

**Ayrshiren ja suomenkarjan perinnöllisen vaihtelun tila  
sukupuutiedoista arvioituna**

Anne Siipola  
Maisterintutkielma  
Helsingin yliopisto  
Maataloustieteiden osasto  
Kotieläinten jalostustiede  
Huhtikuu 2019

Tiedekunta/Osasto — Fakultet/Sektion — Faculty Maatalous-metsätieteellinen tiedekunta		Laitos — Institution — Department Maataloustieteiden laitos	
Tekijä — Författare — Author Anne Siipola			
Työn nimi — Arbetets titel — Title Ayrshiren ja suomenkarjan perinnöllisen vaihtelun tila sukupuutiedoista arvioituna			
Oppiaine — Läroämne — Subject Kotieläinten jalostustiede			
Työn laji — Arbetets art — Level Maisterintutkielma	Aika — Datum — Month and year Huhtikuu 2019	Sivumäärä — Sidoantal — Number of pages 56 s.	
<p>Tiivistelmä — Referat — Abstract</p> <p>Perinnöllisen monimuotoisuuden säilyttämistä perustellaan populaation sopeutumiskyvyllä ympäristön ja tuotantovaatimusten muutoksiin sekä sukusiitoksen haittavaikutuksien ehkäisemisellä. Tämän tutkielman tavoitteena oli tutkia suomalaisen ayrshiren, länsisuomenkarjan, itäsuomenkarjan ja pohjoissuomenkarjan perinnöllistä monimuotoisuutta sukupuutietojen avulla. Sukupuutiedot saatiin Faba Osk:lta. Populaatioiden keskimääräistä sukusiitosasteen kehitystä ja sukulaistumista tarkasteltiin eläinten syntymävuodesta 1970 alkaen vuoteen 2017. Kaikille roduille laskettiin teholliset populaatiokoot syntymävuosittain ja tunnistettiin nykypopulaatioon suurimman geneettisen kontribuution antaneita kantaeläimiä. Laskelmat tehtiin Relax2- ja R-ohjelmilla.</p> <p>Sukusiitosasteen nousu on viime vuosina pysähtynyt tai kääntynyt laskuun muilla kuin LSK:lla, jonka keskimääräinen sukusiitosaste on noussut viimeisten 20 vuoden aikana 2,2 prosenttiyksikköä. Myöskään jalostuseläinten sukulaisuusaste ei ole viime vuosina noussut muilla kuin LSK:lla. Lasketut teholliset populaatiokoot olivat vuosina 2015–2017 syntyneille 163 (AY), 78 (PSK) 74 (LSK) ja 57 (ISK). Merkittävimmät kantaeläimet geneettiseltä kontribuutioltaan olivat vuosina 2015–2017 syntyneiden ikäluokkaan roduittain A Lier (AY), Opari (LSK), Asa (ISK) ja Fager (PSK). Tässä ikäluokassa kymmenen merkittävimmän kantaeläimen kontribuutiot vaihtelivat välillä 3,8 – 14,4 %.</p> <p>Vaikka suomenkarjan eri rotujen teholliset populaatiokoot ylittävät minimisuosituksena pidetyn 50 ja sukulaistuminen on vähentynyt viime vuosina, suomenkarjan monimuotoisuuden ylläpitoon tulee jatkossakin kiinnittää erityistä huomiota. Ayrshiren monimuotoisuus on toistaiseksi kestäväällä tasolla. AY-rodun teholliseen populaatiokokoon on vaikuttanut pohjoismaisen jalostusyhteistyö Ruotsin ja Tanskan punaisen rodun kanssa. Tulevaisuudessa genomitieto tulee todennäköisesti tarjoamaan yhä tehokkaampia keinoja populaatioiden monimuotoisuuden analysointiin ja hallintaan.</p>			
<p>Avainsanat — Nyckelord — Keywords</p> <p>perinnöllinen monimuotoisuus, ayrshire, suomenkarja, sukusiitos, sukulaisuus, tehollinen populaatiokoko, sukupuuanalyysi, geneettinen kontribuutio</p>			
<p>Säilytyspaikka — Förvaringsställe — Where deposited</p> <p>Viikin kampuskirjasto</p>			
<p>Muita tietoja — Övriga uppgifter — Further information</p> <p>Työtä ohjasi Pekka Uimari</p>			

Tiedekunta/Osasto — Fakultet/Sektion — Faculty Faculty of Agriculture and Forestry		Laitos — Institution — Department Department of Agricultural Sciences	
Tekijä — Författare — Author Anne Siipola			
Työn nimi — Arbetets titel — Title Estimation of genetic diversity of the Ayrshire and Finncattle breeds using pedigree data			
Oppiaine — Läroämne — Subject Animal breeding			
Työn laji — Arbetets art — Level Master's thesis	Aika — Datum — Month and year April 2019	Sivumäärä — Sidoantal — Number of pages 56 p.	
<p>Tiivistelmä — Referat — Abstract</p> <p>Conservation of the genetic diversity enables population adaption to climate and production system changes and prevents harmful consequences of inbreeding. The aim of this study was to investigate the state of genetic diversity in Finnish Ayrshire and Finncattle breeds (Western, Eastern and Northern Finncattle) based on pedigree information. The data were received from FABA co-op. Average inbreeding coefficient and relationships were estimated for animals born between 1970 and 2017. Effective population sizes were estimated separately for each birth-year group. In addition, genetic contribution of the most important ancestors of the population were investigated. The Software packages RelaX2 and R-program were used to estimate the population parameters.</p> <p>Average inbreeding coefficient had either stayed at the same level or decreased for all breeds except Western Finncattle. Average inbreeding coefficient of Western Finncattle has increased 2.2 %-units during the last 20 years. In addition, average relationships between breeding animals has remained stable in other breeds except Western Finncattle. Estimated effective population sizes were 163 (AY), 78 (PSK) 74 (LSK) and 57 (ISK) for animals born between 2015 and 2017. The most important ancestors to animals born between 2015 and 2017 of each breed were A Lier (AY), Opari (LSK), Asa (ISK) and Fager (PSK).</p> <p>Effective population sizes of different Finncattle breeds were larger than the minimum recommendation of 50 and average relationship coefficients between breeding animals have stabilized during the past few years. Despite this, the diversity of all Finncattle breeds needs to be strictly monitored.</p> <p>The genetic diversity of Finnish Ayrshire is at the sustainable level that is partly due to cooperation of the Nordic breeding organizations. In the future, genomic information will hopefully provide more effective tools to estimate and manage population genetic diversity.</p>			
<p>Avainsanat — Nyckelord — Keywords</p> <p>genetic diversity, inbreeding coefficient, relationship coefficient, effective population size, Ayrshire, Finncattle, pedigree analysis, genetic contribution</p>			
<p>Säilytyspaikka — Förvaringsställe — Where deposited</p> <p>Viikki Campus Library</p>			
<p>Muita tietoja — Övriga uppgifter — Further information</p> <p>Supervisor: Pekka Uimari</p>			

# SISÄLLYS

<b>LYHENTEET JA SYMBOLIT.....</b>	<b>5</b>
<b>1 JOHDANTO.....</b>	<b>6</b>
<b>2 LYPSEKARJAN PERINNÖLLINEN MONIMUOTOISUUS.....</b>	<b>7</b>
<b>2.1 Perinnöllisen vaihtelun mittaaminen .....</b>	<b>9</b>
2.1.1 Sukusiitos, sukusiitosaste ja sukulaisuusaste.....	9
2.1.2 Sukusiitosasteen muutos sukupolvessa .....	11
2.1.3 Tehollinen populaatiokoko .....	12
2.1.4 Geneettiset kontribuutiot .....	12
<b>2.2 Ayrshiren historia Suomessa .....</b>	<b>13</b>
<b>2.3 Suomenkarjan kolme populaatiota.....</b>	<b>14</b>
2.3.1 Länsisuomenkarja.....	15
2.3.2 Itäsuomenkarja .....	16
2.3.3 Pohjoissuomenkarja.....	16
<b>3 TUTKIMUKSEN TAVOITTEET.....</b>	<b>17</b>
<b>4 AINEISTO JA MENETELMÄT.....</b>	<b>17</b>
<b>4.1 Aineiston kuvaus ja rajaus .....</b>	<b>17</b>
<b>4.2 Menetelmät.....</b>	<b>19</b>
4.2.1 Sukusiitosasteen laskeminen.....	19
4.2.2 Keskimääräinen sukulaisuussuhde.....	19
4.2.3 Tehollisen populaatiokoon arvioiminen .....	20
4.2.4 Suurivaikutteisten kantaeläinten tutkinta.....	21
<b>5 TULOKSET.....</b>	<b>22</b>
<b>5.1 Keskimääräisen sukusiitosasteen ja sukulaistumisen kehitys.....</b>	<b>22</b>
<b>5.2 Teholliset populaatiokoot .....</b>	<b>33</b>
<b>5.3 Populaatioiden suurivaikutteiset kantaeläimet.....</b>	<b>35</b>
<b>6 TULOSTEN TARKASTELU .....</b>	<b>40</b>
<b>6.1 Keskimääräisen sukusiitosasteen ja sukulaistumisen kehitys.....</b>	<b>40</b>
<b>6.2 Teholliset populaatiokoot .....</b>	<b>44</b>
<b>6.3 Populaatioiden suurivaikutteiset kantaeläimet.....</b>	<b>47</b>
<b>7 JOHTOPÄÄTÖKSET .....</b>	<b>50</b>
<b>8 KIITOKSET .....</b>	<b>51</b>
<b>9 LÄHTEET .....</b>	<b>511</b>

## LYHENTEET JA SYMBOLIT

AY	ayrshire
DGE	erillisten sukupolvien vastaavuus
ECG	täydellisten sukupolvien vastaavuus
F	sukusiitosaste
$\Delta F$	sukusiitosasteen muutos sukupolvessa
ISK	itäsuomenkarja
LSK	länsisuomenkarja
$N_e$	tehollinen populaatiokoko
OCS	optimaalisen kontribuution valintamenetelmä
PSK	pohjoissuomenkarja

# 1 JOHDANTO

Erilaisten tuotantosysteemien ja rotujen monipuolisuuden säilyttäminen on tärkeää ruokaturvallisuuden sekä kestävyyskannalta (FAO 2018b). Monimuotoinen nautapopulaatio mahdollistaa kestävästä geneettisestä edistymisestä sekä kyvyn reagoida tuotantoympäristön ja jalostustavoitteiden nopeisiin muutoksiin (Notter 1999, Toro ym. 2011). Yhdistyneiden kansakuntien elintarvike- ja maatalousjärjestö FAO:n raportin (2015) mukaan jopa 17 % maailman nautaroduista on vaarassa hävitä, vaikka toimet monimuotoisuuden säilyttämiseksi ovatkin lisääntyneet viime vuosina.

Siirtyminen yhä erikoistuneempaan maidon- ja naudanlihantuotantoon on väistämättä johtanut yhä erikoistuneempiin nautarotuihin. Kansainväliset kaupalliset ja kansalliset jalostusorganisaatiot pyrkivät tuottamaan taloudellisesti kilpailukykyistä geneettistä materiaalia tuottajien tarpeisiin. Nopean perinnöllisen edistymisen saavuttamiseksi jalostusorganisaatioilla on paineita harjoittaa yhä ankarampaa jalostuseläinten valintaa. Yhdessä tehokkaan valinnan kanssa, erikoistuminen on johtanut perinnöllisen monimuotoisuuden vähenemiseen rotujen sisällä (Taberlet ym. 2018).

Populaation perinnöllistä monimuotoisuutta voidaan tutkia monin eri tavoin, yksi niistä on sukupuuanalyysiin perustuva arviointi (Boichard ym. 1997). Monimuotoisuutta on tutkittu verrattain paljon eri rotujen osalta, koska perinnöllistä vaihtelua pidetään arvokkaana resurssina alati muuttuvassa maailmassa (Maignel ym. 1996, McParland ym. 2007, Melka ym. 2013).

Tieto perinnöllisestä monimuotoisuudesta ja populaation rakenteesta tarjoavat arvokasta tietoa monimuotoisuuden säilyttämisen ja hallinnan tueksi (Iso-Touru ym. 2016). Perinnöllisen monimuotoisuuden taso täytyy tuntea, jotta sitä pystytään seuraamaan ja kehittämään strategioita sen hallintaan (Melka ym. 2013). Jokainen nykyaikainen jalostusohjelma seuraa ja kontrolloi populaation perinnöllisen monimuotoisuuden tilaa jollain keinoin, koska vain sillä tavoin jalostusohjelma säilyy toimintakykyisenä myös tulevaisuudessa (Oldenbroek ja van der Waaij 2014).

Lajien kokonaismonimuotoisuutta mietittäessä, on tärkeää ottaa huomioon, että harvinaisemmat rodut voivat kantaa perimässään alleeleja, joilla on positiivisia

vaikutuksia taloudellisesti tärkeisiin ominaisuuksiin (Notter 1999). Esimerkiksi alkuperäisrodut voivat luoda uutta vaihtelua valtarotuihin, joiden geenipooli on kaventunut ankaran valinnan seurauksena (Hiemstra ym. 2010). Toisaalta rotujen säilyttämisen syyt voivat olla muitakin kuin tieteellisiä, esimerkiksi kulttuurihistorialliset, luonnonsuojelulliset sekä eettiset syyt ovat perusteltuja syitä säilyttää erilaisia rotuja (Maijala 1999).

Kotimaisista alkuperäisistä nautaroduistamme itäsuomenkarja ja pohjoissuomenkarja ovat kokeneet pullonkaulailmiön, ennen kuin niiden arvostukseen herättiin kunnolla 1980-luvulla (Vahlsten 2018). Koettu pullonkaulailmiö vaikuttaa paljon rotujen perinnölliseen monimuotoisuuteen yhä tänäkin päivänä. Valtarotumme ayrshire taas on elinvoimainen ja korkeatuotoksinen lypsyrotu, mutta holstein kasvattaa silti koko ajan rotuosuuttaan suomalaisilla tiloilla (ProAgria 2019). Pitäisikö ayrshiren jalostusta tehostaa pärjätäkseen holsteinille ja muille maailmalla suosituille roduille, ja joko kilpailu näkyy ayrshiren perimän kaventumisena?

Geneettisen kontribuution tasoittaminen valitsemalla seuraavan sukupolven vanhemmiksi yksilöitä, joiden sukulaisuus nykypopulaation on mahdollisimman pieni, on tunnettu menetelmä hidastaa populaation sukulaistumista ja ylläpitää perinnöllistä monimuotoisuutta (Rodriguez-Ramilo ym. 2006). Tästä syystä tarkastelemme tässä tutkielmassa myös yksilöitä, joilla on ollut suurin geneettinen vaikutus nykypopulaatioon, jotta tunnistettaisiin kantaeläimet, joiden sukulaisten käyttöä jalostuksessa tulisi erityisen tarkoin harkita.

## **2 Lypsykarjan perinnöllinen monimuotoisuus**

Monimuotoisuus on erilaisten alleelien esiintymistä populaatiossa tarpeeksi suurina frekvensseinä (Oldenbroek ja van der Waaij 2014). Mitä enemmän erilaisia alleleja populaation yksilöistä löytyy, sitä monimuotoisempi populaatio on. Perinnöllisen monimuotoisuuden säilyttämiseen on kiinnitettävä huomiota erityisesti jalostusohjelmissa, joissa käytetään keinosiemennystä ja alkionsiirtoa laajassa mittakaavassa. Tehokkaat lisääntymistekniikat voivat vähentää monimuotoisuutta

hyvinkin lyhyessä ajassa, koska seuraavan sukupolven tuottamiseen tarvitaan vain pieni joukko jalostuseläimiä (Weigel 2001, Hammami ym. 2007).

Perinnöllinen monimuotoisuus populaatiossa vähenee, kun erilaisia alleleja katoaa nopeammin kuin niitä mutaatioiden tai migraation kautta tulee lisää. Monimuotoisuuden vähentäjiä ovat valinta sekä geneettinen satunnaisajautuminen (Oldenbroek ja van der Waaij 2014). Valinta voi olla luonnonvalintaa, joka suosii elinkelpoisimpia yksilöitä tai keinotekoisista ihmisten tekemää valintaa, jolloin suvun jatkajiksi valikoituvat valintaa tekevien ihmisen mielestä parhaat eläimet. Geneettinen satunnaisajautuminen on nimensä mukaisesti sattumasta johtuvaa alleelien katoamista. Harvinaiset alleelit ovat todennäköisemmin vaarassa kadota geneettisen ajautumisen vuoksi kuin suuremman frekvenssin alleelit (Falconer ja Mackay 1996). Geneettinen satunnaisajautuminen on erityisesti pienten populaatioiden monimuotoisuuden uhka (Hiemstra ym. 2010). Perinnöllinen monimuotoisuus säilyy populaatiossa paremmin, jos samaa rotua käytetään tuotannossa hyvin erilaisissa olosuhteissa, jolloin jalostuksen valintaperusteet ovat laajemmat. Tällöin on kuitenkin olemassa riski, että alun perin yksi rotu eriytyy vähitellen omiksi roduiksi.

Perinnöllisen vaihtelun määrä populaatiossa voi kasvaa mutaatioiden lisäksi tuomalla uutta eläinainesta toisesta saman rodun populaatiosta. Mutaatioiden aiheuttamat muutokset alleelifrekvensseissä ovat hyvin hitaita, joten mutaatioiden tuoma lisäys populaation monimuotoisuuteen on pieni (Falconer ja Mackay 1996). Uuden eläinaineksen tuominen populaatioon lisää monimuotoisuutta, jos rodulla on säilynyt useampia melko erillisiä populaatioita, joissa ei ole suurissa määrin käytetty samoja jalostuseläimiä. Erittäin uhanalaisen tai sisäsiittoisen rodun säilyttämisessä roturisteytys on yleensä viimeinen keino.

Monissa jalostusohjelmissa pyritään tasapainottamaan perinnöllinen edistyminen ja populaation monimuotoisuuden säilyttäminen. Optimaaliseen kontribuutioon perustuva valinta (OCS) (Meuwissen ja Sonesson 1998) pyrkii maksimoimaan perinnöllisen edistymisen ja samaan aikaan ylläpitämään monimuotoisuutta kiinnittämällä huomioita jalostuseläinten sukulaisuuteen (Kearney ym. 2004, Clark ym. 2013). OCS pyrkii toimimaan asetetun sukusiitoksen kasvun rajoissa (Meuwissen ja Sonesson 1998). OCS:ään perustuva valinta vaatii kuitenkin toimiakseen kattavat sukupuutiedot (Sørensen



ym. 2008). Genomiset jalostusarvot voivat lisätä entisestään perinnöllistä edistymistä OCS:ssä (Clark ym. 2013). Genomista tietoa voitaisiin hyödyntää vieläkin enemmän monimuotoisuuden säilyttämisessä, koska se mahdollistaa yksilöllisemmän tarkastelun sukulaisten samankaltaisuuden asteesta (Hill ja Weir 2011).

## 2.1 Perinnöllisen vaihtelun mittaaminen

Tieteellisissä tutkimuksissa, esimerkiksi Sørensenin ym. (2005) tai Melkan ym. (2013), on esitelty seuraavia parametreja perinnöllisen monimuotoisuuden mittaamiseen sukupuuaaineistosta: sukusiitosasteen muutos, sukulaisuusaste, tehollinen populaatiokoko, perustajajäsenten määrä, tehollinen perustajajäsenten määrä, tehollinen esivanhempien määrä, tehollinen perustajajäsenten genomien määrä, sekä tehollinen ei-perustajajäsenten määrä. Näistä sukusiitosasteen muutos, sukulaisuusaste sekä tehollinen populaatiokoko ovat parametreja, jotka pyrkivät kuvaamaan monimuotoisuutta pitkällä aikavälillä (Boichard ym. 1997).

Laskelmissa käytettävän sukupuuaaineiston laadulla on suuri merkitys tulosten luotettavuuteen, erityisesti sukusiitosta arvioitaessa, koska vajaat sukupuut aiheuttavat sukusiitoksen aliarviointia puuttuvien sukulaisuustietojen vuoksi (Van Raden ym. 1992, Li ym. 2011). Jos sukulaisuustietoja ei ole tiedossa, se voi johtaa esimerkiksi läheisten sukulaisten tahattomaan paritukseen. Tutkimusten vertailtavuuden vuoksi yleensä arvioidaan sukupuun laatu jollain parametrilla (Li ym. 2011). Tehollisten erillisten sukupolvien lukumäärä DGE (*discrete generation equivalents*) (Woolliams ja Mäntysaari 1995), sekä tehollisten täydellisten sukupolvien lukumäärä, ECG (*equivalent complete generations*) (Maignel ym. 1996) kuvaavat kumpikin yksittäisen eläimen sukupuun syvyyttä.

### 2.1.1 Sukusiitos, sukusiitosaste ja sukulaisuusaste

Sukusiitoksella tarkoitetaan läheisten sukulaisten lisääntymistä keskenään ja se on tyypillistä suljetussa populaatiossa (Falconer ja Mackay 1996, Woolliams ym. 2015). Sukusiitosaste (F) kuvaa todennäköisyyttä, että yksilö on perinyt molemmilta

vanhemmilta alleelin, joka on identtinen yhteisen esivanhemman kautta (Woolliams ym. 2015).

Sukusiitosaste lasketaan seuraavan kaavan mukaan

$$F_X = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^n (1 + F_A)$$

jossa  $F_X$  on yksilön sukusiitosaste,  $n$  on niiden yksilöiden määrä, jotka yhdistävät  $x$ :n vanhemmat toisiinsa yhteisen esivanhemman kautta.  $F_A$  on yhteisen esivanhemman  $A$  sukusiitosaste. Sukusiitosta laskettaessa summataan ( $\sum$ ) kaikkien eri polkujen kautta saadut arvot keskenään. Perustajapopulaation yksilöiden sukusiitosaste oletetaan nolllaksi (Falconer ja Mackay 1996).

Eläimen sukusiitosaste on aina puolet sen vanhempien välisestä sukulaisuussuhteesta (Falconer ja Mackay 1996). Sukulaisuus yksilöiden välillä kuvaa yhteisten geenien todennäköistä osuutta, joka johtuu yhteisistä kantavanhemmista (Falconer ja Mackay 1996). Keskimääräisiä sukulaisuusasteita mahdollisten jalostuseläinten välillä tarkastelemalla voidaan ennustaa sukusiitoksen kehitystä tulevaisuudessa (Falconer ja Mackay 1996). Sukulaisuusasteen laskennassa mukana ovat yleensä vain jalostukseen käytettävät eläimet, koska eläimet, joita ei valita jatkamaan sukua, eivät vaikuta seuraavan sukupolven sukusiitosasteeseen (Strandén ja Peura 2007). Vertaamalla populaation jalostuseläinten sukulaisuusastetta seuraavan sukupolven keskimääräiseen sukusiitosasteeseen, voidaan arvioida kuinka hyvin populaatiossa on onnistuttu paritusmenetelmässä välttämään sukulaisparituksia (Strandén ja Peura 2007).

Sukusiitoksen seurauksia populaatiossa ovat perinnöllisen monimuotoisuuden vähentyminen, sukusiitostaantuma erityisesti hedelmällisyydessä ja terveydessä, resessiivisten alleelien aiheuttamien sairauksien lisääntyminen ja additiivisen geneettisen varianssin pienentyminen (Meuwissen ja Woolliams 1994, Kearney ym. 2004). Tutkimuksissa on havaittu sukusiitoksella olevan negatiivisia vaikutuksia myös kasvuun, maidontuotantoon ja kestävyYTEEN (Weigel 2001).

Nyky aikaisten jalostustyökalujen avulla voidaan arvioida paritettavien eläinten väliset sukulaisuussuhteet ja jos eläinten sukupuutiedot ovat kattavat, saadaan näin selville myös tulevan jälkeläisen sukusiitosaste. Suositeltu yläraja-arvo esimerkiksi Faban jalostussuunnitteluohjelmassa vanhempien väliselle sukulaisuudelle on 12,5 %, jolloin jälkeläisen sukusiitosasteeksi tulisi 6,25 %.

### **2.1.2 Sukusiitosasteen muutos sukupolvessa**

Sukusiitosasteen muutos ( $\Delta F$ ) kertoo, kuinka paljon monimuotoisuutta sekä heterotsygotiaa menetetään sukupolvessa tai vaihtoehtoisesti per vuosi (Woolliams ja Mäntysaari 1995). Toisin kuin sukusiitosaste, joka on riippuvainen sukulaisuusaineiston kattavuudesta,  $\Delta F$  on parametrina vertailukelpoinen populaatioiden välillä.

Yleensä yksittäisten eläinten sukusiitosastetta tärkeämpää on tarkastella sukusiitoksen muutosta pidemmällä aikavälillä populaation tasolla (Woolliams ym. 2015). Sukupolvittaisen sukusiitoksen kasvun perusteella voidaan esimerkiksi arvioida valinnan mahdollisuuksia poistaa populaatiosta haitallisia alleleja (Pekkala ym. 2014). Jos sukusiitoksen kasvu on liian nopeaa, valinta voi olla tehokasta vain erittäin haitallisia alleleja vastaan, kun taas hieman hitaampi sukusiitoksen kasvu mahdollistaa valintaa myös vähemmän haitallisia alleleja vastaan (Pekkala ym. 2014).

Sukusiitosasteen muutoksen laskemiseen tarvitaan keskimääräisen sukusiitosasteen lisäksi keskimääräinen sukupolvien välinen aika, jos tuotannossa on samaan aikaan useita sukupolvia (Strandén ja Peura 2007). Keskimääräinen sukupolvien välinen aika on lyhentynyt vuosikymmenten saatossa, vielä 1960-luvulla suomalaisen ayrshiren sukupolven välinen aika oli keskimäärin 7,3 vuotta (Woolliams ja Mäntysaari 1995). Tuoreemman amerikkalaisen tutkimuksen (Garcia-Ruiz ym. 2016) mukaan sukupolvien välinen aika on lyhentynyt noin 37 %:lla holstein-rodulla genomisen jalostusvalinnan käyttöönoton jälkeen, ollen vuonna 2015 keskimäärin vain 3,4 vuotta. Sukupolvien välinen aika on yleensä laskennallinen keskiarvo neljästä eri valintapolusta: isä-poika, isä-tytär, emä-poika, emä-tytär (Strandén ja Peura 2007, Garcia-Ruiz ym. 2016).

Lyhyen tähtäimen sukusiitostaantumien ehkäisyssä, kohtuulliseksi ylärajaksi sukusiitoksen kasvulle sukupolvessa on kirjallisuudessa esitetty 0,5-1 % (FAO 1998,

Hiemstra ym. 2010). Sukusiitosasteen muutokseen vaikuttavat jalostuseläinten määrä ja sukupuolijakauma, vaihtelu sukujen koissa sekä populaatiokoon vaihtelu vuosien välillä (Oldenbroek ja van der Waaij 2014)

### **2.1.3 Tehollinen populaatiokoko**

Tehollinen populaatiokoko ( $N_e$ ) kuvaa sellaista ideaalipopulaation eläinmäärää, joka saa aikaan saman sukusiitosasteen nousun kuin tutkitussa populaatiossa. Ideaalipopulaatio on määritelmän mukaan tarpeeksi suuri populaatio, jossa on yhtä paljon uroksia ja naaraita, jotka tuottavat kaikki saman määrän jälkeläisiä satunnaisesti pariutumalla ja sukupolvet ovat keskenään saman kokoisia (Falconer ja Mackay 1996). Ideaalissa populaatiossa tehollinen populaatiokoko on yhtä suuri kuin koko populaatio (Falconer ja Mackay 1996). FAO:n suositus tehollisen populaation minimiksi on 50–100 yksilöä (FAO 1998). Tehollinen populaatiokoko voidaan estimoida siihen suorassa yhteydessä olevan sukusiitosasteen muutoksen avulla (Falconer ja Mackay 1996).

Harvojen sonnien intensiivinen käyttö jalostuksessa nähdään yhtenä merkittävänä syynä pieneen teholliseen populaatiokokoon (Nomura ym. 2001). Perinnöllisen vaihtelun lisäämiseksi täytyisi jalostuksessa suosia enemmän sonneja, joiden esi-isillä on pienempi kontribuutio nykyajan populaatioon (Melka ym. 2013).

### **2.1.4 Geneettiset kontribuutiot**

Arvioimalla populaation kantaeläinten geneettisten vaikutusten siirtymistä sukupolvien aikana nykypopulaatioon saakka, saadaan selville suurimmat kantaeläimet tutkittavaan geenipooliin (Boichard ym. 1997). Geneettisiä kontribuutioita laskemalla voidaan arvioida geenipoolin monimuotoisuutta ja saada selville missä suhteessa populaation kantaelain-yksilöiden geenit ovat historian kuluessa säilyneet (Boichard ym. 1997).

## 2.2 Ayrshiren historia Suomessa

Ensimmäiset ayrshire-rotuiset eläimet tuotiin Suomeen vuonna 1845 (Simonen 1950). Pohjan suomalaiselle ayrshiren jalostukselle muodostivat noin 1800 tuontieläintä lähinnä Skotlannista ja Ruotsista 1900-luvun vaihteen tienoilla (Simonen 1950). Tuonnin taustalla oli ajatus siitä, etteivät Suomen maatiaiskarjan kirjavat rotuominaisuudet sopineet puhtaaseen rotuoppiin pohjautuvaan jalostustyöhön (Maijala 1998). Innokkaat ayrshire-jalostajat vakuuttivat karjanomistajat ayrshiren sopivuudesta maidon- ja lihantuotantoon Suomen olosuhteissa ja vuosikymmenten saatossa ayrshirestä tuli maan valtarotu lypsykarjapuolella (Maijala 1998). Vuonna 1988 tuotosseurannassa mukana olleista lehmistä peräti 80 % oli ayrshirejä (Woolliams ja Mäntysaari 1995). Lukumääräisesti ayrshire-lehmiä oli eniten 1950-luvulla, jopa yli 1,1 miljoonaa (Woolliams ja Mäntysaari 1995). Vuosi 2018 oli ayrshiren kannalta historiallinen Suomessa, kun holstein ohitti sen tuotosseurannassa mukana olevien lehmien määrässä (ProAgria 2019). Ayrshiren osuus oli vuoden 2018 tuotosseurannassa 48,6 % ja holsteinin 49,6 % kokonaislehmämäärästä (ProAgria 2019).

Eläinaineksen tuonnilla ja viennillä on koko ayrshiren jalostushistorian ajan ollut jonkinlainen rooli jalostustyössä (Vahlsten ym. 2004). Eläinainesta on tuotu erityisesti Ruotsista ja Norjasta, mutta myös Kanadasta ja USA:sta. 2000-luvulla yhteistyö jalostustyössä etenkin Ruotsin ja Tanskan kanssa lisääntyi (Vahlsten ym. 2004).

Pohjoismainen jalostusyhteistyö alkoi 2000-luvun alkupuoliskolla. VikingRed on kolmen pohjoismaisen punaisen rodun yhteinen jalostusohjelma, johon kuuluvat Suomen ayrshire (FAY), Ruotsin punainen (SRB) sekä Tanskan punainen (RDM). Jalostusohjelmaan kuuluville eläimille on yhä saatavilla erotellut rotuosuudet, joten täysin yhdestä punaisesta rodusta ei vielä voida puhua, vaan teoriassa on yhä mahdollista erottaa rodut puhtaiksi, jos se nähtäisiin tarpeelliseksi.

## 2.3 Suomenkarjan kolme populaatiota

Alkuperäinen suomenkarja kuului osaksi pohjoisen Fennoskandian nupojen rotujen ryhmää (Hiemstra ym. 2010). Tähän fennoskandiseen rotujoukkoon on vuosisatojen saatossa sekoittunut paljon muualta tullutta eläinmateriaalia. Karjalan ja Savon alue ovat tässä tapauksessa poikkeus, sillä sen nautapopulaatioon maahantuotu eläinaines on vaikuttanut huomattavasti vähemmän kuin maan etelä- ja länsiosissa. Länsisuomenkarjan, itäsuomenkarjan ja pohjoissuomenkarjan rotuyhdistykset perustettiin 1800-luvun lopulla, jolloin myös suomenkarjan kolme eri muotoa eriytettiin omiksi roduikseen (Hiemstra ym. 2010).

Länsisuomenkarja, itäsuomenkarja ja pohjoissuomenkarja ovat kotimaisia alkuperäisrotujamme, eli maatiaisrotuja. Ne yhdessä muodostivat maamme valtarodun aina 1950-luvulla saakka (Maijala 1998). Tällä hetkellä Suomen tuotosseurannassa olevista lehmistä vain 1 % on rodultaan suomenkarjaa (Vahlsten 2018). Toisen maailmansodan aika vaikutti erityisesti pohjois- ja itäsuomenkarjan lukumäärään, kun sodassa menetetyiltä alueilta muutettiin lehmien kanssa ympäri Suomea, mukaan otettiin vain parhaimmat eläimet (Lilja ym. 2009). Osittain tästä syystä, suomenkarjan rotuyhdistykset yhdistyivät 1940-luvun lopulla, jolloin kaikki kolme rotua yhdistettiin samaan kantakirjaan eli käytännössä yhdeksi roduksi (Maijala 1998). Yhdistymisen aikoihin kantakirjassa oli noin 5000 eläintä (Lilja ym. 2009).

Suomenkarja meinasi kadota kokonaan Suomesta, kun 1950 – 60 -luvuilla innostuttiin siementämään suomenkarjan lehmiä friisiläisten tuontispermalla, sekä jo tutuksi tulleella ayshirellä (Maijala 1998). Ulkomaisten rotujen käytön taustalla oli naudanlihantuotannon tehostaminen ja lihantuotantokyvyn mukaan ottaminen yleisiin jalostustavoitteisiin (Maijala 1998). Näissä ominaisuuksissa suomenkarjan pienikokoiset ja hidaskasvuiset eläimet eivät pärjänneet ja suomenkarjan määrä lähti hurjaan laskuun.

Keskustelu kotieläinten geenivarojen hallinnoinnin tarpeesta kansainvälisellä tasolla heräsi laajemmin vasta kahdeksankymmentä-luvulla (Notter 1999), vaikka suomenkarjan katoamisesta huolestuttiin Suomessa jo 1960-luvun lopulla (Maijala 1998, Lilja ym. 2009). Kansainvälisen keskustelun keskiössä olivat tahojen erimielisyydet

harvinaistuvien rotujen säilyttämisen tarpeellisuudesta tulevaisuudessa (Notter 1999). Tuolloin myös Suomessa ryhdyttiin elvytystyöhön toden teolla (Hiemstra ym. 2010). Tehokkaimmaksi keinoksi lajille tai rodulle säilyä geneettisesti monipuolisena ja runsaslukuisena luetaan sen kuuluminen osaksi kaupallista kotieläintuotantosysteemiä (Notter 1999).

Suomenkarjan pelastivat lopulta ehkä lähinnä kulttuurihistorialliset syyt (Maijala 1999). Euroopan Unioniin liittymisen myötä vuonna 1995, Suomessa otettiin käyttöön uusia aktiivisia toimia paikallisten rotujen säilyttämiseen, muun muassa alkuperäisrotutuet (Lilja ym. 2009). NordGen (The Nordic Genetic Resource Centre) on pohjoismainen instituutio, jonka tehtävä on edistää kasvien, eläinten ja metsän geneettisten resurssien kestäväää käyttöä ja monipuolisuuden säilyttämistä (NordGen 2018). Myös aktiivisten rotuyhdistysten tärkeys rodun elinvoimaisena pitämisenä on huomattava (Notter 1999). Nämä edellä mainitut toimet ovat kaikki osaltaan vaikuttaneet suomenkarjan säilymiseen.

Suomenkarjan eri rodut ovat säilyneet ulkomuodoltaan melko samanlaisena 1950-luvulta nykypäivään, koska pieni populaatio ei ole mahdollistanut ankaraa valintaa (Hiemstra ym. 2010). Hyvin pienet populaatiokoot kuitenkin uhkaavat rotujen perinnöllistä monimuotoisuutta. Rotuja ei haluta risteyttää keskenään, koska jokaista kolmesta rodusta pidetään ainutlaatuisena ulkonäöltään ja ominaisuuksiltaan (Hiemstra ym. 2010). Suomenkarjan rodut ovat lisäksi geneettisesti kaukana ayrshirestä, mikä lisää niiden ainutlaatuisuutta (Iso-Touru ym. 2016).

### **2.3.1 Länsisuomenkarja**

Länsisuomenkarja on alkuperäisroduistamme runsaslukuisin ja paras maidontuottaja, tuotosseurannassa oli vuonna 2017 mukana 1336 länsisuomenlehmää ja energiakorjattu maitotuotos rodulla oli keskimäärin 7485 kg (ProAgria 2018). Rodun jalostus on siirtymässä nykyaikaan, genotyypityshanke alkoi vuonna 2018 ja tavoitteena on siirtyä genomiseen jalostusarvosteluun lähitulevaisuudessa (Mäntysaari ja Strandén 2018). LSK:n jalostusvalinnassa painoarvo on tuotos- ja rakenneominaisuuksilla sekä eläimen keskimääräisellä sukulaisuudella populaation muiden eläinten kanssa. LSK:n ongelma on korkea keskimääräinen sukulaisuus. Vuonna 2015 syntyneiden lehmien keskimääräinen sukulaisuusaste oli 14,2 % (Vahlsten 2018). Populaatioon on haettu

monimuotoisuutta nelivuotisen projektin avulla, jossa otetaan käyttöön 1970-luvun sonneja, joiden geneettinen kontribuutio nykypäivän jalostuspopulaatioon on mahdollisimman pieni (Sjöblom 2017, Vahlsten 2018). Tehokasta jalostusohjelmaa vaikeuttaa myös populaation pieni eläinmäärä, joka on viime vuosina ollut laskussa.

### **2.3.2 Itäsuomenkarja**

Perustettaessa vuonna 1898 itäsuomenkarjan rotuyhdistys oli Suomen ensimmäinen (Maijala 1998). Vuonna 2017 itäsuomenkarjan lehmiä oli tuotosseurannassa 267 kappaletta ja energiakorjattu maitotuotos ISK:lla oli keskimäärin 4293 kg (ProAgria 2018). ISK:n määrä tuotosseurannan ulkopuolella on noin 1400 lehmää ja määrä on nousussa (Vahlsten 2018). Tuotosseurannan ulkopuolella olo tarkoittaa, että nämä eläimet eivät osallistu rodun maidontuotannon jalostukseen. Rodulle ominaista on muun muassa K-kaseiini B:n frekvenssi yli 50 % ja uniikki MHC-polymorfismi (FAO 2018a). Geeniainesta muista roduista itäsuomenkarjaan on tullut 1950-luvun jälkeen Ruotsin friisiläisistä ja Suomen ayrshirestä, arviolta kuitenkin alle 5 % (FAO 2018a). ISK:n säilyttämistä pidetään erityisen tärkeänä, koska se eroaa geneettisesti verrattain paljon muista roduista ja rodussa on lisäksi säilynyt runsaasti lajin sisäistä monimuotoisuutta (Lilja ym. 2009). Itäsuomenkarjan populaatio oli pienimmillään 1980-luvulla, kun jäljellä oli enää noin 50 lehmää ja 10 sonnia (Lilja ym. 2009).

### **2.3.3 Pohjoissuomenkarja**

PSK:n tuotosseurannassa mukana olevien 432 lehmän keskimääräinen energiakorjattu maitotuotos oli 5695 kg vuonna 2017 (ProAgria 2018). PSK:ta on ISK:n tapaan paljon tuotosseurannan ulkopuolella, puhdasrotuisten lapinlehmänaaraiden määrä oli vuonna 2017 arviolta 1773 (Arktinen keskus 2018). Rodun säilytystyön alkaessa 1980-luvulla puhdasrotuisten yksilöiden määrä oli suomenkarjan roduista kaikista alhaisin, lehmiä oli tiettävästi noin 20 (Luke 2018b). Rodulle tyypillistä on K-kaseiini B, jonka esiintymisfrekvenssi populaatiossa on noin 70 % (FAO 2018a). Rotuun on tuotu suhteellisen paljon geeniainesta muista roduista, nykypopulaatiossa liki 30 % perimästä on muuta kuin alkuperäistä pohjoissuomenkarjaa, esimerkiksi ayrshireä ja länsisuomenkarjaa (Arktinen keskus 2018). Rodun elävä geenipankki sijaitsee Pelson



vankilan eläintilalla, missä puhdasrotuisia PSK-lehmiä on noin 60 kpl (Arktinen keskus 2018).

### 3 TUTKIMUKSEN TAVOITTEET

Tämän maisterintutkielman tavoitteena oli arvioida ayrshiren ja suomenkarjan eri rotujen perinnöllistä monimuotoisuutta sukupuuaineiston avulla, keskittymällä sukusiitosasteen muutokseen sekä teholliseen populaatiokokoon.

Lisätavoitteena oli tunnistaa kantaeläimiä, joilla on ollut suuri vaikutus nykypopulaatioon, jotta voitaisiin välttää näiden yksilöiden jälkeläisten liikakäyttöä tulevaisuuden jalostuksessa.

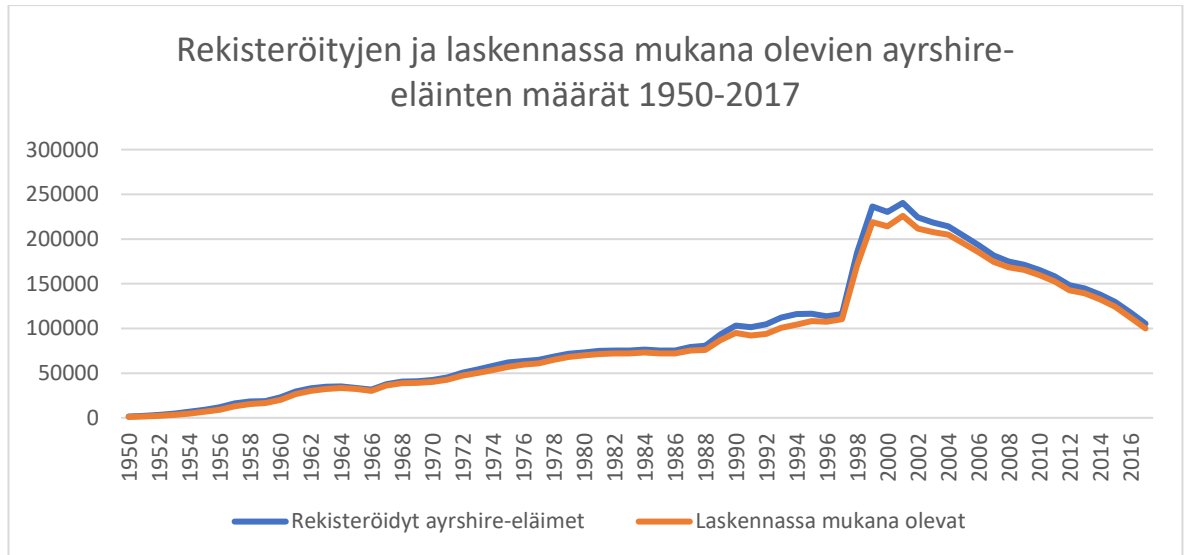
### 4 AINEISTO JA MENETELMÄT

#### 4.1 Aineiston kuvaus ja rajaus

Alkuperäinen eläinten sukulaisuustiedot sisältävä aineisto saatiin Faba Osk:lta. Ayrshiren rotutunnuksella aineistossa esiintyi 6 517 515 eläintä, länsisuomenkarjan tunnuksella 262 589, itäsuomenkarjan tunnuksella 20 745 ja pohjoissuomenkarjan tunnuksella 23 471 eläintä. Eläimistä oli aineistossa seuraavat tiedot: id-numero, isä, emä, sukupuoli, rotu ja syntymäaika. Sukupuutietoja aineistossa oli vuosilta 1903–2018. Aineiston eläinten tunnisteet olivat valmiiksi uudelleen numeroitu, jotta tutkimuksessa säilyisi anonymiys, eikä eläimiä pystyisi näin ollen yhdistämään todellisiin karjanumeroihin. Vuosittaiset rekisteröintimäärät (kuva 1) vaihtelivat Ayrshirellä 1512 ja 249 387 eläimen välillä. Suomenkarjalla vuosittaiset rekisteröintimäärät (kuva 2) olivat välillä 853 ja 7658.

Varsinaiseen laskentaan ei otettu mukaan eläimiä, joilla ei ollut syntymäaikatietoa tai joiden syntymäaika oli ennen vuotta 1950, koska sitä vanhempien eläinten rekisteröintimäärät olivat aika pieniä tilastoinnin ja järjestelmien kehittymättömyydestä

johtuen (Syväjärvi 2016). Syntymäaika muutettiin aineistossa päivän tarkkuudesta vuoden tarkkuuteen. Suomenkarjan rodut käsiteltiin yhtenä sukupuuna, niiden rekisteröintihistorian vuoksi.



Kuva 1. Rekisteröityjen ayrshire-eläinten määrät syntymävuosittain 1950–2017, sekä lopulliseen laskentaan mukaan otetut eläinmäärät.



Kuva 2. Rekisteröityjen suomenkarjan eläinten (LSK, PSK & ISK yhteensä) lukumäärät vuosittain 1950–2017, sekä lopulliseen laskentaan mukaan otetut eläinmäärät.

Suomen liittyminen Euroopan unioniin vuonna 1995 tiukensi eläinten rekisteröintivaatimuksia, joten kuvaajassa näkyvää muutosta vuoden 1998 paikkeilla selittää uuden eläinlainsäädännön siirtymäajan päättyminen. Suomi sitoutui noudattamaan direktiiviä 92/102/ETY eläinten tunnistamisesta ja rekisteröinnistä (EUR-Lex 1992).

Aineistoa rajattiin sovelluksilla RStudio (versio 1.1.414- © 2009–2018 Rstudio, Inc.) sekä RelaX2: pedigree analysis -ohjelmalla (versio 1.54, päivitetty 6/2012, Strandén ja Vuori 2006). RelaX2:n avulla sukupuusta karsittiin kaikki muut eläimet paitsi ne, jotka kuuluivat suurimpaan pääpopulaatioon. Samoin karsittiin eläimet, joilta puuttuivat molempien vanhempien tiedot. Näiden rajoitusten jälkeen aineistoon jäi ayrshire-eläimiä 5 906 312 (kuva 1) ja suomenkarjan eläimiä yhteensä 167 066 (kuva 2). Suurin syy suomenkarjan eläinten runsaaseen karsiutumiseen oli puuttuva linkki pääpopulaatioon.

## 4.2 Menetelmät

### 4.2.1 Sukusiitosasteen laskeminen

Sukusiitosaste (F) laskettiin kaikille eläimille, jotka olivat syntyneet vuonna 1950 tai myöhemmin, mutta jatkoanalyysiin otettiin mukaan vain eläimet, joilla erillisten sukupolvien määrä, DGE (Woolliams ja Mäntysaari 1995) oli tarpeeksi suuri. Raja-arvona DGE:lle käytettiin joko 4:ää, 6:tta tai 8:aa sukupolvea, koska haluttiin selvittää, kuinka sukupuun syvyys vaikuttaa sukusiitosasteen arvioinnissa. Kaikille tutkittaville neljälle rodulle laskettiin erikseen omat sukusiitosasteen kehityskäyrät, vaihtoehtoisilla sukupuun minimisyvyyksillä. RelaX2-ohjelman sukusiitosasteen laskenta perustuu Meuwissenin ja Luon (1992) kehittämään algoritmiin.

### 4.2.2 Keskimääräinen sukulaisuussuhde

Keskimääräisiä sukulaisuuksia laskettiin syntymävuosittain lehmille, sonneille sekä sonnien ja lehmien välille, jotka olivat syntyneet samana vuonna. Sonneilla, jotka hyväksyttiin mukaan sukulaisuuslaskentaan, täytyi olla aineistossa vähintään yksi jälkeläinen. Sukulaisuuslaskennassa ei rajoitettu eläimiä pois sukupuun syvyyden perusteella.

#### 4.2.3 Tehollisen populaatiokoon arvioiminen

Tehollisen populaatiokoon arviointia varten jokaiselle eläimelle laskettiin ”yksilön sukusiitosasteen kasvua” kuvaavaa  $\Delta F_i$ -arvo Gutiérrezin ym. (2009) menetelmällä.

$$\Delta F_i = 1 - t_i^{-1} \sqrt{1 - F_i}$$

Yhtälössä  $F_i$  on yksilön sukusiitosaste,  $t_i$  on ECG eli täydellisten sukupolvien vastaavuus yksilön  $i$  sukupuussa (Maignel ym. 1996). ECG on laskettu summaamalla yksilön  $i$  kaikkien tunnettujen esivanhempien osuudet, kun yksittäisen esivanhemman osuus saadaan kaavalla  $(1/2)^n$ , jossa  $n$  on yksilön  $i$  ja sen esivanhemman välisten sukupolvien määrä (Maignel ym. 1996).

Tehollinen populaatiokoko laskettiin Gutiérrezin ym. (2009) uudemmalla päivitetyllä menetelmällä. Menetelmässä tehollinen populaatiokoko on estimoitu lasketun sukusiitosasteen muutoksen pohjalta seuraavan kaavan mukaan:

$$\widehat{N_e} = \frac{1}{2\overline{\Delta F}}$$

jossa  $\overline{\Delta F}$  on aiemmin laskettujen  $\Delta F_i$  -arvojen keskiarvo. Koska  $\Delta F_i$  -arvot lasketaan jokaiselle yksilölle erikseen, voidaan tehollinen populaatiokoko arvioida syntymävuosiluokittain. Tämä mahdollistaa tehollisen populaatiokoon kehityksen seuraamisen rodun lähihistoriassa.

Tehollisen populaatiokoon keskivirhe laskettiin Gutiérrezin ym. (2008) menetelmän mukaan kaavalla:

$$\sigma_{\widehat{N_e}} = \frac{2}{\sqrt{\widehat{N_e}}} \widehat{N_e}^2 \sigma_{\Delta F}$$

jossa  $N_e$  on estimoitu tehollinen populaatiokoko ja  $\sigma_{\Delta F}$  on  $\Delta F_i$ -arvojen keskihajonta. Tehollisen populaatiokoon arviointiin käytettiin Relax2-ohjelmaa.



## 5 TULOKSET

Tulokset on esitetty roduittain. Tuloksissa tarkasteluvuodet vaihtelevat hieman, riippuen aineiston eläinmäärästä. Sukusiitosasteen kehitystä analysoitaessa on käytetty vain niitä eläimiä, joiden sukusiitosasteiden arvioinnissa on ollut käytettävissä vähintään neljä tehollista sukupolvea ( $DGE \geq 4$ ).

### 5.1. Keskimääräisen sukusiitosasteen ja sukulaistumisen kehitys

Sukusiitosasteet on esitetty tuloksien kuvaajissa ayrshireltä ja länsisuomenkarjalta vuodesta 1970 alkaen ja itäsuomen- ja pohjoissuomenkarjalta 1990-luvulta lähtien. Taulukkoon 1 on koottu rotujen lopulliset eläinmäärät, jotka otettiin mukaan jatkoanalyysiin ( $DGE \geq 4$ ), sekä sukusiitosasteiden jakauma roduittain. Ayrshiren aineistossa oli suhteellisesti paljon vähemmän eläimiä, joiden sukusiitosaste oli yli 5 % verrattuna suomenkarjan rotuihin (taulukko 1). ISK ja PSK taas eroavat LSK:sta sillä, että niiden pienemmissä populaatioissa on suhteellisesti paljon enemmän korkean sukusiitosasteen (yli 10 %) eläimiä. Keskimääräiset sukupolven väliset ajat olivat ayrshirelle 4,6 vuotta ja suomenkarjan roduille 5,6 vuotta (Taulukko 2). Sukupolven välisten aikojen perusteella pystyttiin laskemaan arvioita  $\Delta F$ :sta.

Taulukko 1. Lopullisten analyysien eläinmäärät (n) roduittain sekä sukusiitosprosenttien (F) jakauma, DGE-raja-arvolla 4.

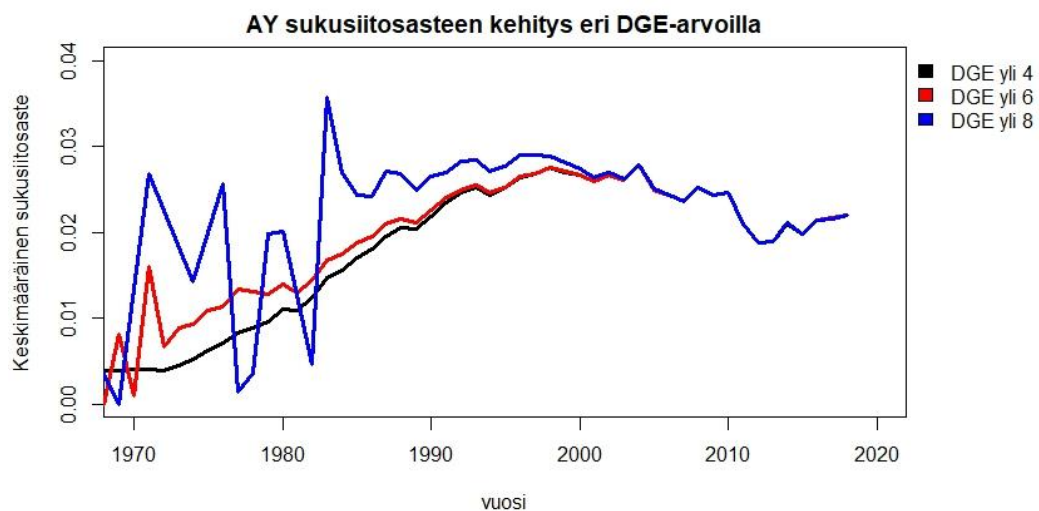
ROTU	n	F yli 5 %	F yli 10 %	F yli 15 %
AY	5474468	4,5 %	0,4 %	0,2 %
LSK	93807	26,3 %	2,6 %	0,9 %
ISK	17750	21,2 %	10,5 %	5,9 %
PSK	18018	18,4 %	7 %	4,2 %

Taulukko 2. Keskimääräiset sukupolvien väliset ajat tarkasteluhistorian (1970–2017) aikana.

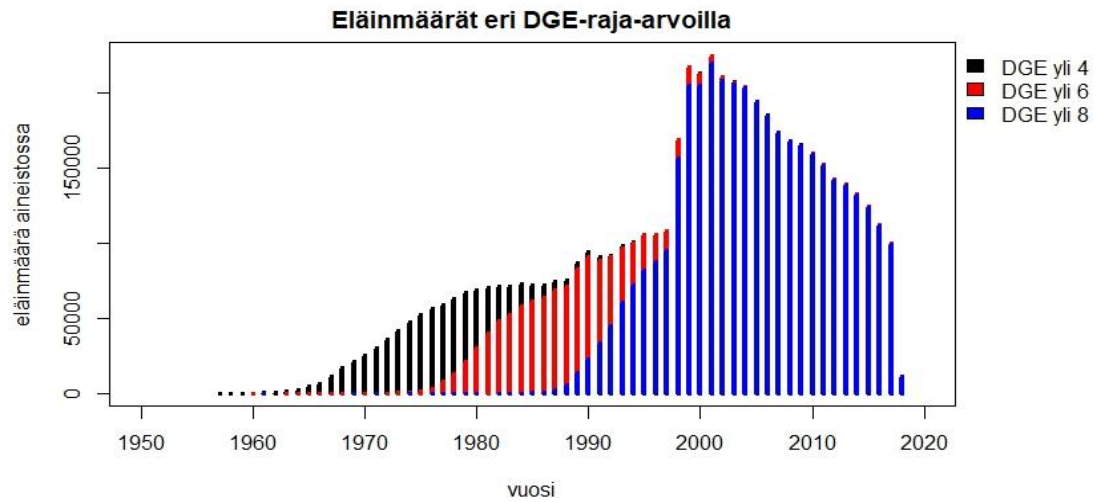
Polku	Ayrshire	Suomenkarja
Isä-poika	6,3	7,0
Isä-tytär	5,5	7,1
Emä-poika	4,6	4,7
Emä-tytär	4,0	4,2
Keskiarvo	4,6	5,6

## Ayrshire

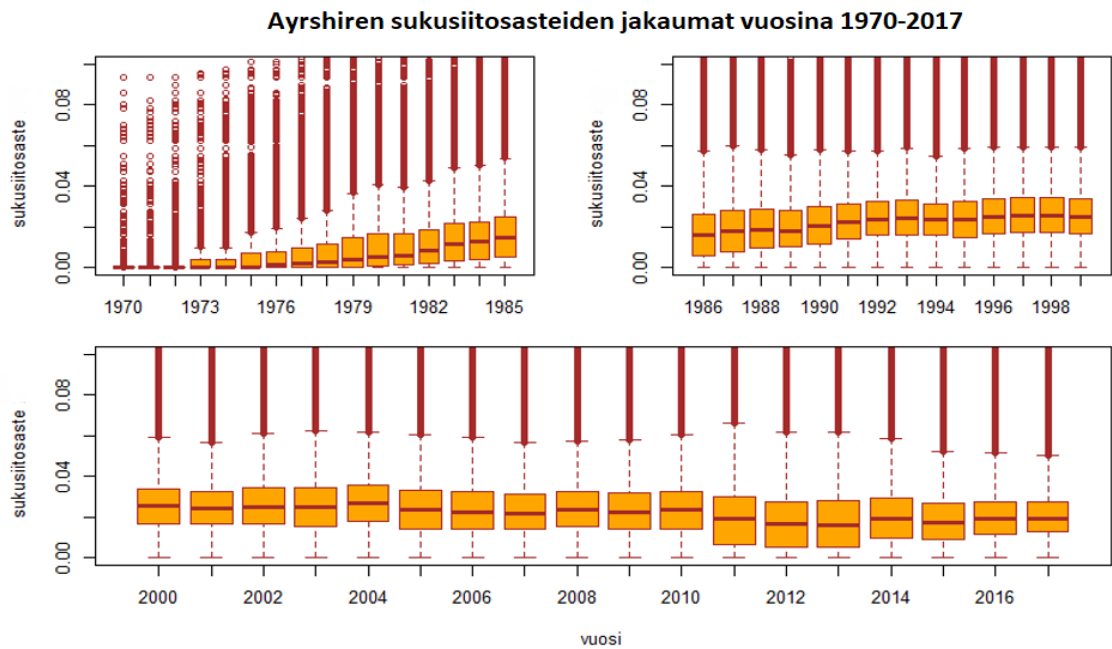
Ayrshiren keskimääräinen sukusiitosaste oli korkeimmillaan vuonna 2004 (kuva 4). Vuosittainen sukusiitoksen lisäys on tarkasteluvälillä 1970–2017 ollut keskimäärin 0,03 prosenttiyksikköä. Keskimääräisen sukupolven välisen ajan ollessa samalla tarkasteluvälillä 4,6 vuotta, saadaan keskimääräiseksi sukusiitosasteen muutokseksi sukupolvessa 0,14 prosenttiyksikköä. 2000-luvulla keskimääräinen sukusiitosaste on pienentynyt noin 0,2 prosenttiyksikköä. DGE:n raja-arvon nostaminen 6:een olisi mahdollistanut sukusiitoksen tarkastelun vasta 1980-luvulta eteenpäin ja vastaavasti DGE:n raja-arvo 8, olisi hyväksynyt mukaan eläimiä vasta 1990-luvulta lähtien (kuva 5). Tarkemmin sukusiitosasteiden vuosittaista hajontaa populaatiossa on esitelty boxplot-kuvaajien avulla (kuva 6).



Kuva 4. Ayrshiren keskimääräisen sukusiitosasteen kehitys eri DGE-arvoilla.



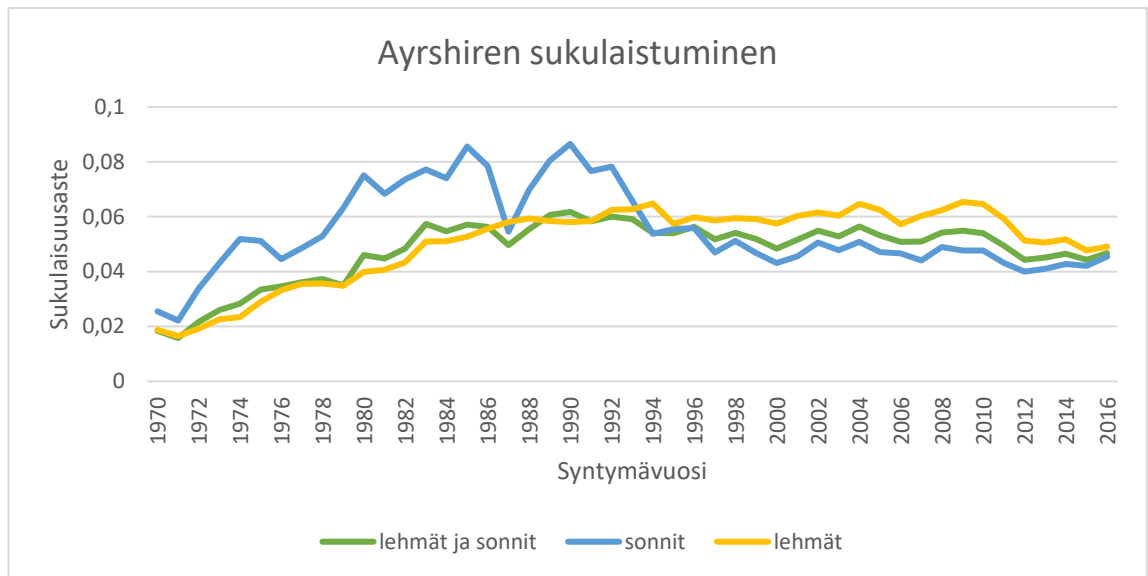
Kuva 5. Ayrshire-eläinten määrät eri DGE-raja-arvoilla.



Kuva 6. Ayrshiren sukusiitosasteiden jakaumat vuosina 1970–2017.

Ayrshire-sonnien sukulaistuminen oli huomattavasti nopeampaa kuin lehmien vuosien 1970–1992 välillä (kuva 7). Sonnien sukulaistuminen lähti laskuun vuonna 1993. Lehmien sukulaisuus oli korkeimmillaan vuonna 2009 (6,5 %), mutta oli jo laskenut 4,9 %:iin vuonna 2016.

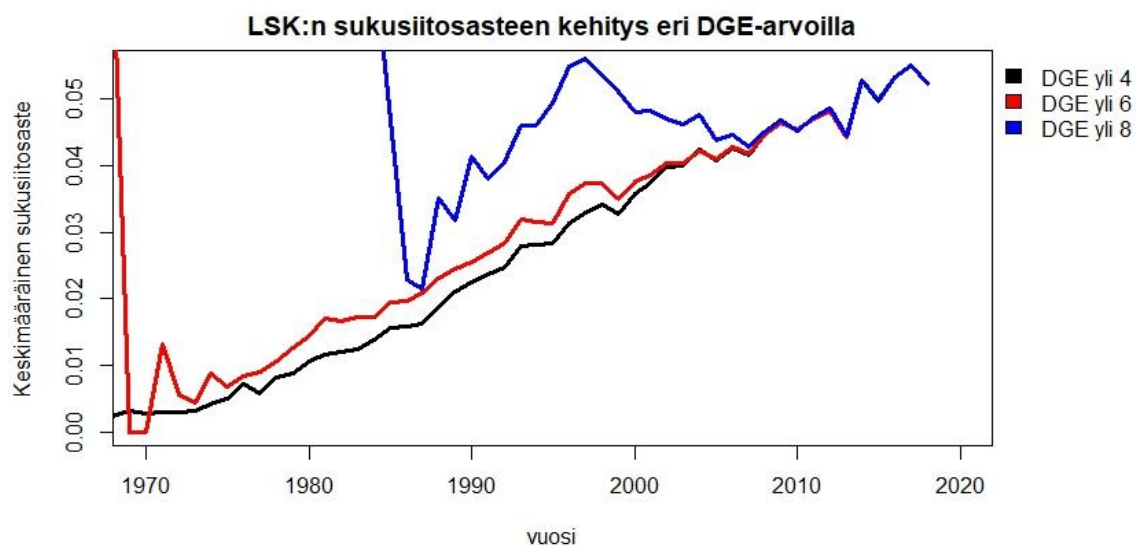




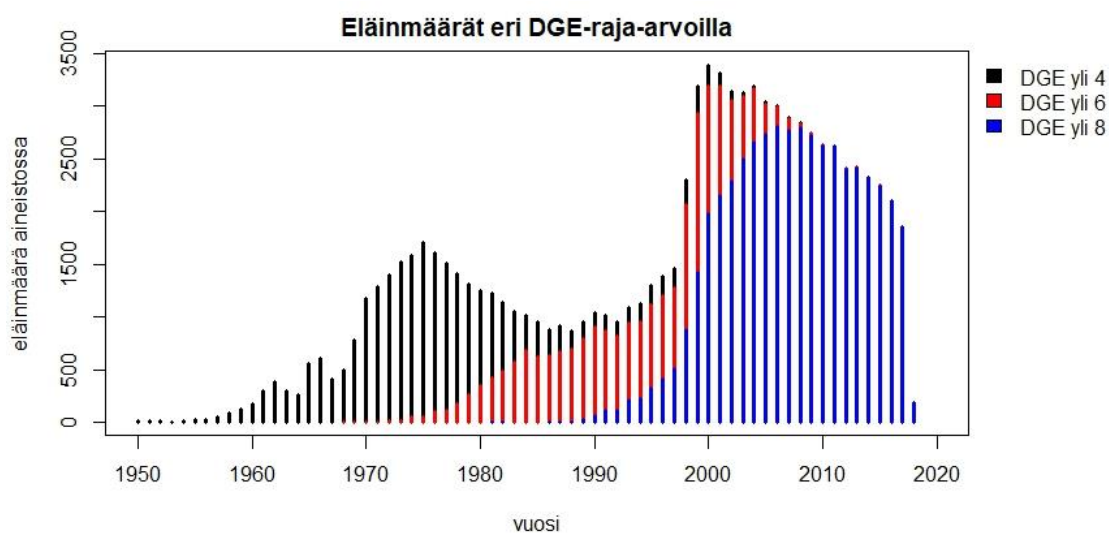
Kuva 7. Ayrshiren sukulaistumisen kehitys eri ryhmissä ja ryhmien välillä.

### *Länsisuomenkarja*

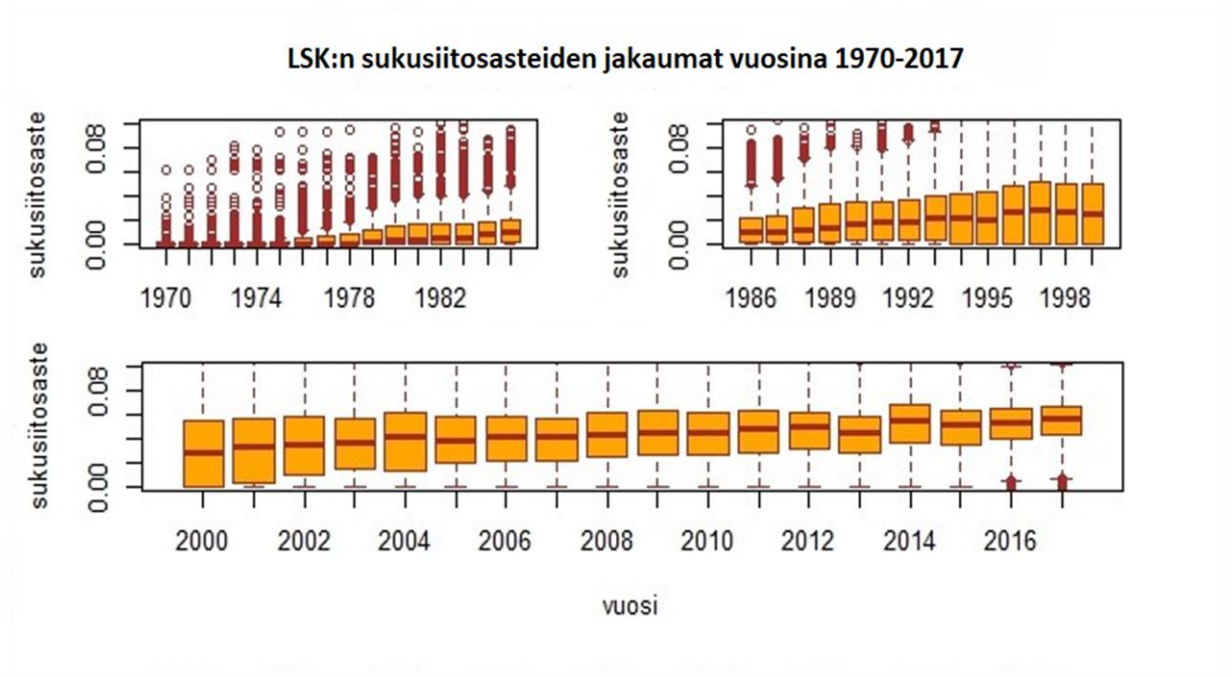
Yleinen trendi länsisuomenkarjan sukusiitosasteessa on nouseva (kuva 8). Tarkasteluhistorian korkein keskimääräinen sukusiitosaste oli vuodelta 2017. LSK:n vuosittainen sukusiitosasteen kasvukehitys on ollut 0,1 prosenttiyksikön luokkaa tarkasteluhistorian, eli vuosien 1970–2017 välillä. Muutosta kehityksessä ei ole tapahtunut 2000-luvulla, vaan myös 2000-luvulla keskimääräinen sukusiitosaste on kasvanut populaatiossa 0,1 prosenttiyksikön. Sukupolven välinen aika oli suomenkarjan rotujen yhteisaineistosta laskien 5,6 vuotta, jolloin sukusiitosasteen kasvu olisi tarkasteluhistorian aikana keskimäärin 0,56 prosenttiyksikköä sukupolvessa. Kuva 9 LSK:n eläinmääristä eri DGE-raja-arvoilla noudattelee pitkälti samaa linjaa kuin ayrshiren vastaava kuvaaja (kuva 5). Sukusiitosasteiden hajonta LSK:n populaatiossa vaikuttaa kaventuneen 2000-luvulla, jolloin yhä useamman yksilön sukusiitosaste lähestyy rodun keskimääräistä sukusiitosastetta (kuva 10). Tarkemmin sukusiitosasteiden vuosittaista hajontaa populaatiossa on esitelty boxplot-kuvaajien avulla (kuva 10).



Kuva 8. Länsisuomenkarjan keskimääräisen sukusiitosasteen kehitys eri DGE-arvoilla.

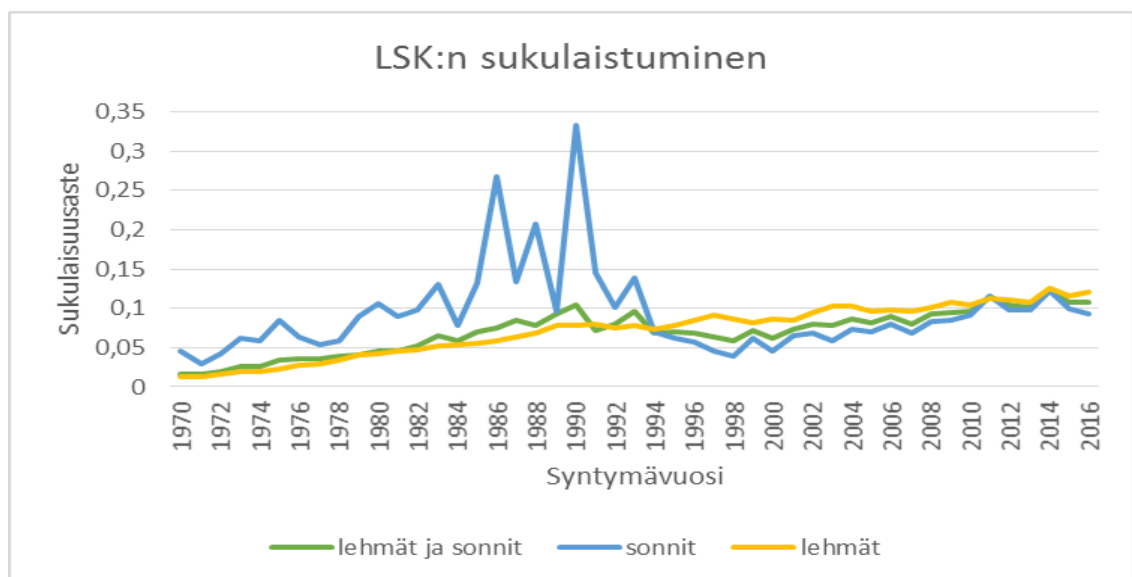


Kuva 9. LSK-eläinten määrät eri DGE-raja-arvoilla.



Kuva 10. LSK:n sukusiitosasteiden jakaumat vuosina 1970–2017.

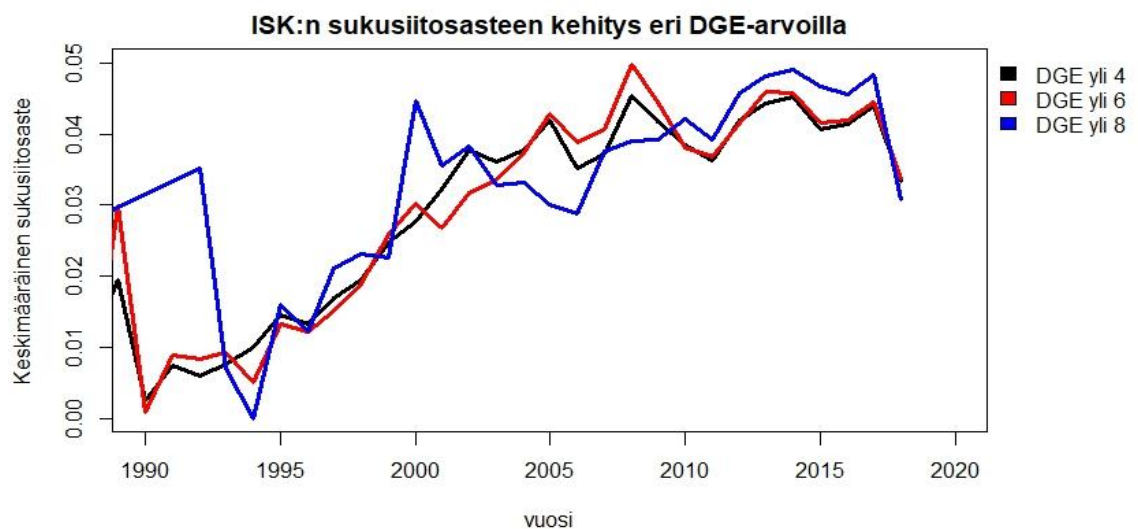
LSK:n lehmien välinen sukulaisuus on kasvanut 2000-luvulla 8,7 %:sta 12,0 %:iin. (kuva 11). Samaan aikaan käytettyjen sonnien keskimääräinen sukulaisuusaste on kasvanut 4,6 %:sta 9,3 %:iin. LSK-sonnien sukulaisuus oli korkeimmillaan vuosina 1986, 1988 ja 1990 syntyneiden luokissa (kuva 11).



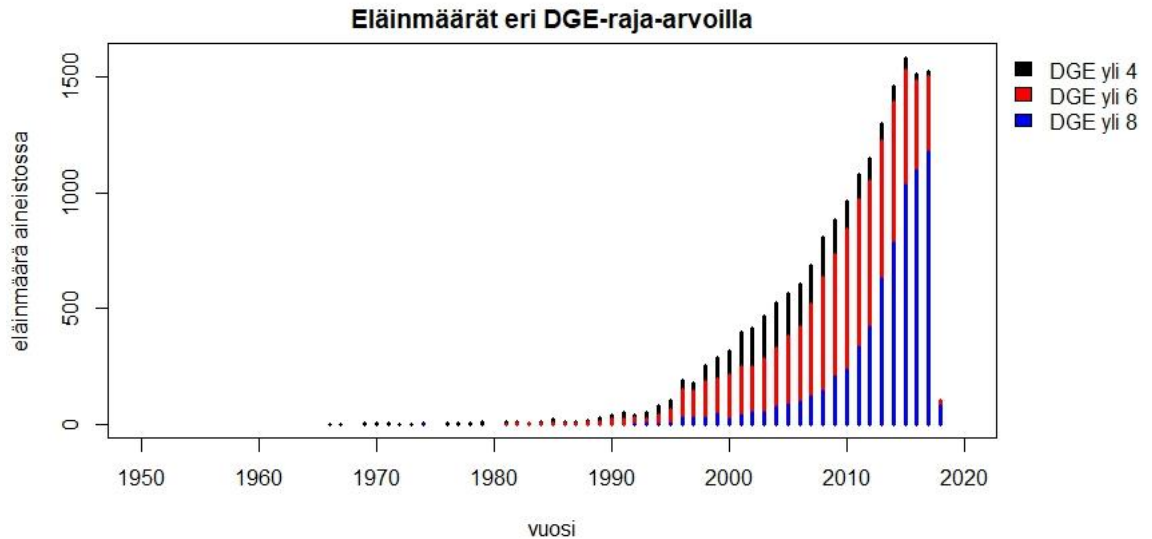
Kuva 11. Länsisuomenkarjan sukulaistumisen kehitys eri ryhmissä ja ryhmien välillä.

### Itäsuomenkarja

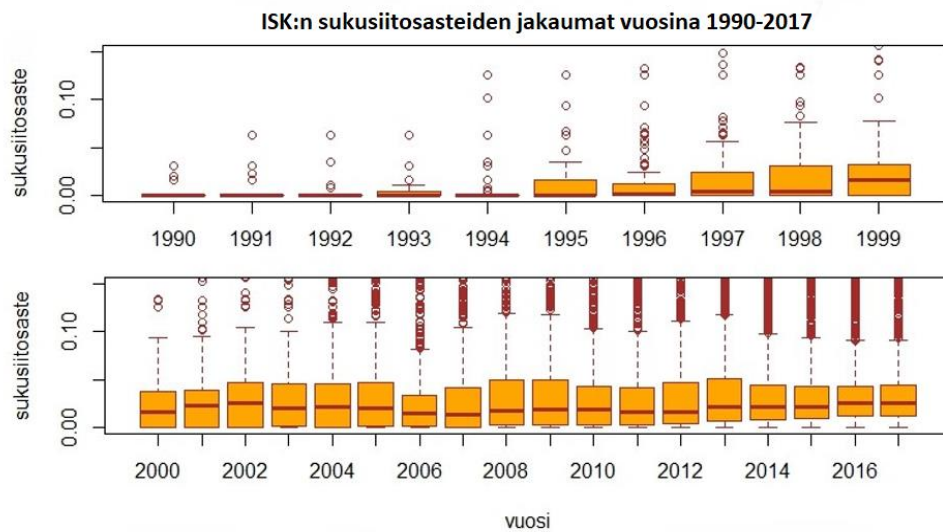
Itäsuomenkarjan keskimääräisessä sukusiitosasteessa vuosittaiset muutokset ovat suurempia, koska populaatiokoko on hyvin pieni. Keskimääräinen sukusiitosaste ISK:lla oli korkeimmillaan vuonna 2008 (kuva 12). Tarkasteluhistorian 1990–2017 aikana keskimääräinen sukusiitosasteen vuosittainen kasvukehitys on ollut noin 0,14 prosenttiyksikön luokkaa. 2000-luvulla kehitys on ollut hieman hitaampaa, ollen keskimäärin 0,09 prosenttiyksikköä vuodessa. Sukupolven välisen ajan ollessa keskimäärin 5,6 vuotta, saadaan  $\Delta F$ :ksi tarkasteluhistorian aikana 0,5 prosenttiyksikköä. Ankarampi DGE-raja-arvo (6 tai 8) olisi rajoittanut laskennassa mukana olevien eläinten määrää vielä nykyistäkin pienemmäksi (kuva 13). Tarkemmin sukusiitosasteiden vuosittaista hajontaa populaatiossa on esitelty boxplot-kuvaajien avulla (kuva 14).



Kuva 12. Itäsuomenkarjan keskimääräisen sukusiitosasteen kehitys eri DGE-arvoilla.

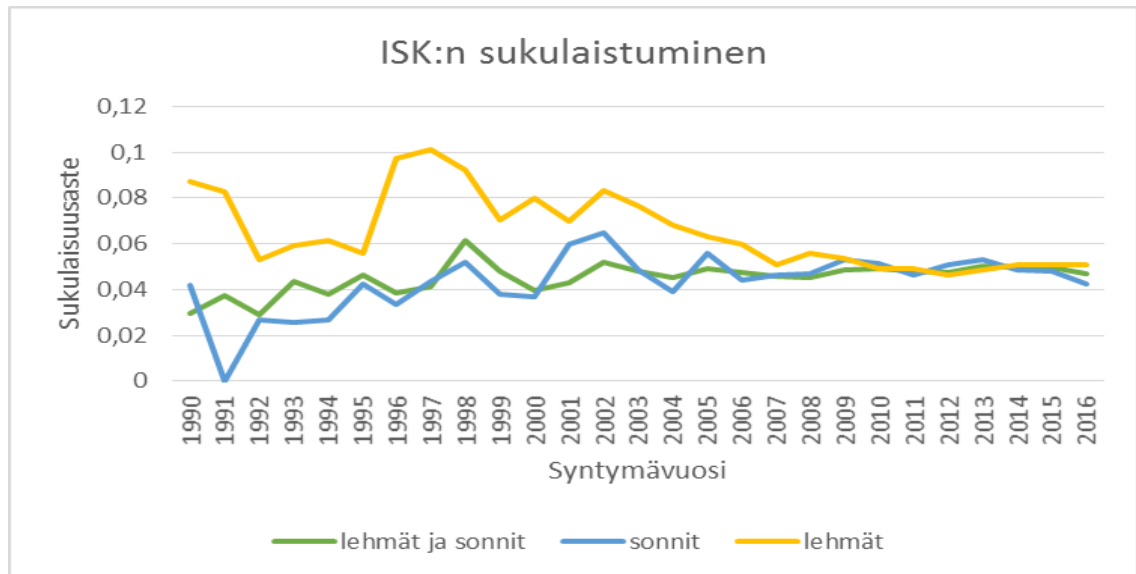


Kuva 13. ISK-eläinten määrät eri DGE-raja-arvoilla.



Kuva 14. ISK:n sukusiitosasteiden jakaumat vuosina 1990–2017.

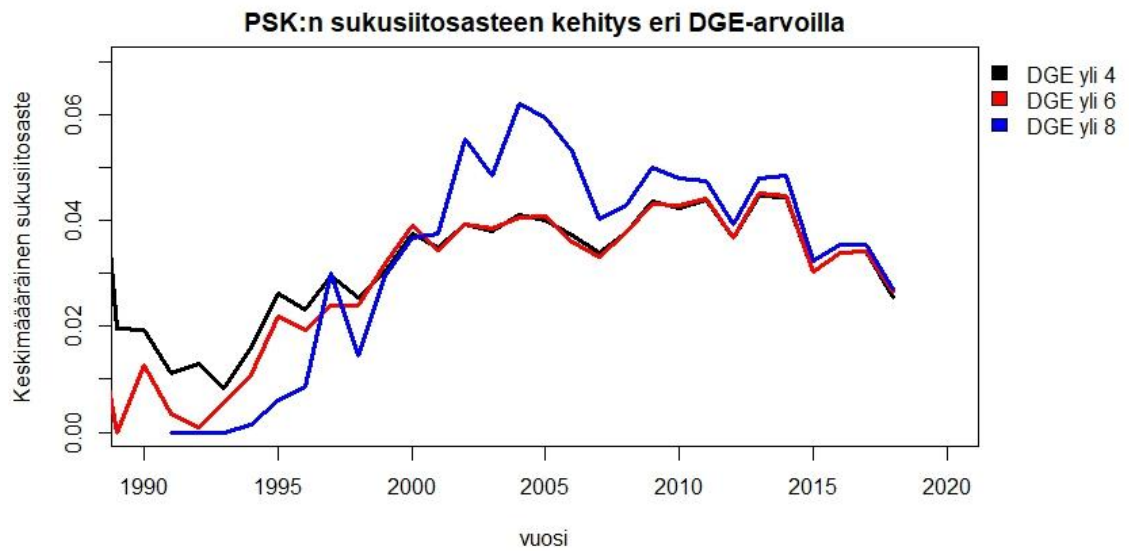
ISK:n sukulaistuminen näyttää tasoittuneen kaikissa ryhmissä noin 4-5 %:n välille 2010-luvulla (kuva 15). Erityisesti naaraiden välinen sukulaisuus on vähentynyt tarkastelun aikana. Kaikkien ryhmien keskimääräisen sukulaisuuden vuosittaiset suuret vaihtelut ovat tasoittuneet 2000-luvulla (kuva 15).



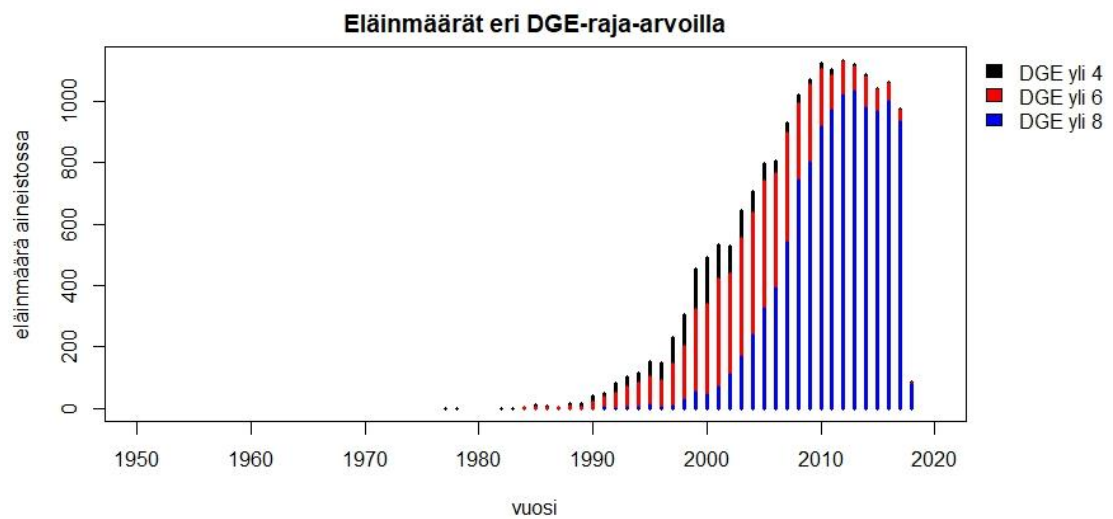
Kuva 15. Itäsuomenkarjan sukulaistumisen kehitys eri ryhmissä ja ryhmien välillä.

### *Pohjoissuomenkarja*

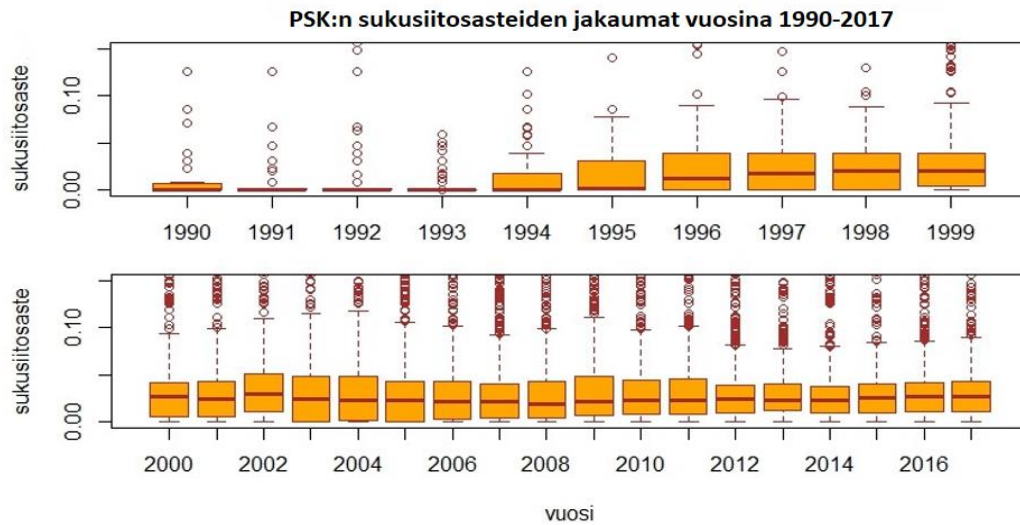
PSK:n kuten myös ISK:n muutokset keskimääräisessä sukusiitosasteessa ovat melko suuria vuosittain. Pohjoissuomenkarjan tarkasteluhistorian, eli vuosien 1990–2017 välillä, populaation keskimääräinen sukusiitosaste oli korkeimmillaan vuonna 2013. Vuosittainen kasvukehitys sukusiitosasteessa on ollut noin 0,05 prosenttiyksikön luokkaa koko tarkasteluhistorian aikana. 2000-luvulla vastaava vuosikehitys on ollut hienoisesti miinusmerkkistä (-0,3 prosenttiyksikköä).  $\Delta F$ :n arvoksi 5,6 vuoden sukupolven välisellä ajalla laskettuna saadaan keskimäärin 0,28 prosenttiyksikköä. Ankarampi DGE-raja-arvo (6 tai 8) olisi rajoittanut laskennassa mukana olevien eläinten määrää vielä nykyistäkin pienemmäksi (kuva 17). Tarkemmin sukusiitosasteiden vuosittaista hajontaa populaatiossa on esitelty boxplot-kuvaajien avulla (kuva 18).



Kuva 16. Pohjoissuomenkarjan keskimääräisen sukusiitosasteen kehitys eri DGE-arvoilla.

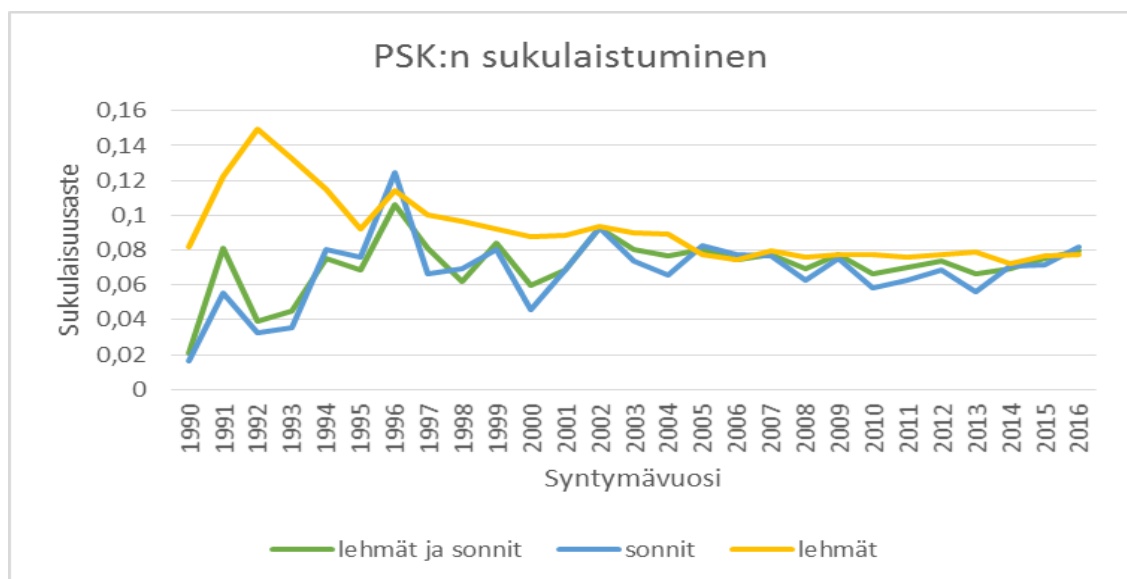


Kuva 17. PSK-eläinten määrät eri DGE-raja-arvoilla.



Kuva 18. PSK:n sukusiitosasteiden jakaumat vuosina 1990–2017.

PSK:n lehmäpopulaatiossa sukulaisuus näyttää vakiintuneen alle 8 %:iin jo vuodesta 2005 (kuva 19). Sonnien keskinäinen sukulaisuus on vaihdellut paljon tarkasteluhistorian aikana, erot vuosien välillä ovat kuitenkin pienentyneet 2000-luvulla. Aivan viime vuosina on havaittavissa pientä nousua sonnien keskimääräisessä sukulaisuusasteessa (kuva 19).



Kuva 19. Pohjoissuomenkarjan sukulaistumisen kehitys eri ryhmissä ja ryhmien välillä.



## 5.2 Teholliset populaatiokoot

Tehollisen populaatiokoon arviot vaihtelivat paljon eri vuosiluokkaryhmien ja rotujen välillä. Tarkasteluhistoria oli teholliselle populaatiokoolle vuodet 1975–2017. Ayrshiren tehollisten populaatiokokojen laskennassa on käytetty 5000 yksilön satunnaisotosta populaatiosta, koska todellisilla määrillä aineisto oli liian raskas laskentaohjelmalle. Nykypopulaatioiden teholliset populaatiokoot vaihtelivat eri roduilla välillä 57 – 163.

### *Ayrshire*

Tarkasteluhistorian (1975–2017) aikana ayrshiren tehollinen populaatiokoko on ensin vähitellen laskenut 195:stä alhaisimmillaan 106:een. Vuosituhannen vaihteen jälkeen tehollinen populaatiokoko on lähtenyt kasvuun ja on tällä hetkellä noin 163 (taulukko 3). Tehollisen populaatiokoon avulla arvioitu sukusiitosasteen muutos sukupolvessa on vaihdellut tarkasteluhistoriassa 0,26 % - 0,46 % välillä.

Taulukko 3. Ayrshiren teholliset populaatiokoot eri syntymävuosiluokissa Gutiérrezin ym. (2009) menetelmän mukaan arvioituna.

Vuosiluokka	N -otos	Tehollinen populaatiokoko	Keskivirhe
2015-2017	5000	163	12
2010-2014	5000	166	12
2005-2009	5000	144	9
2000-2004	5000	124	11
1995-1999	5000	106	13
1990-1994	5000	108	7
1985-1989	5000	118	9
1980-1984	5000	151	14
1975-1979	5000	195	27

### *Länsisuomenkarja*

Länsisuomenkarjan tehollinen populaatiokoko oli nuorimmassa ikäryhmässä (2015–2017 syntyneet) 74. Vuosituhannen vaihteen pienen notkahduksen jälkeen, tehollinen populaatiokoko on taas ollut hienoisessa nousussa. 1970- ja 1980-luvun tehollisen populaatiokoon estimaatit olivat huomattavasti suurempia, kuin nuoremmassa vuosiluokissa (taulukko 4). Tehollisen populaatiokoon avulla arvioitu sukusiitosasteen muutos sukupolvessa on vaihdellut tarkasteluhistoriassa 0,27 % - 0,75 % välillä.

Taulukko 4. Länsisuomenkarjan teholliset populaatiokoot eri syntymävuosiluokissa Gutiérrezin ym. (2009) menetelmän mukaan arvioituna.

<b>Vuosiluokka</b>	<b>N</b>	<b>Tehollinen populaatiokoko</b>	<b>Keskivirhe</b>
2015-2017	6407	74	6
2010-2014	12432	74	7
2005-2009	14536	70	8
2000-2004	16171	67	10
1995-1999	9645	72	11
1990-1994	5223	87	12
1985-1989	4560	115	14
1980-1984	5675	141	20
1975-1979	7540	187	38

#### *Itäsuomenkarja*

Itäsuomenkarjan rekisteröidyt eläinmäärät tehollisen populaatiokoon laskentaan olivat hyvin pienet, vasta syntymävuosiluokassa 1995–1999 oli yli tuhat eläintä (taulukko 5). Mikä sekään ei näytä olevan kovin edustava määrä, koska tehollinen populaatiokoko oli siinä ikäryhmässä 72 ja seuraavassa sukupolvessa, eli 2000–2004 syntyneissä vain 42, kun laskelmissa mukana olevien eläinmäärä oli samaan aikaan tuplaantunut. Tehollinen populaatiokoko on noussut 42:sta 57:ään vuodesta 2004 vuoteen 2017 (taulukko 5). Tehollisen populaatiokoon avulla arvioitu sukusiitosasteen muutos sukupolvessa on vaihdellut tarkasteluhistoriassa 0,69 % - 1,20 % välillä.

Taulukko 5. Itäsuomenkarjan teholliset populaatiokoot eri syntymävuosiluokissa Gutiérrezin ym. (2009) menetelmän mukaan arvioituna.

<b>Vuosiluokka</b>	<b>N</b>	<b>Tehollinen populaatiokoko</b>	<b>Keskivirhe</b>
2015-2017	4620	57	10
2010-2014	5952	49	11
2005-2009	3544	43	11
2000-2004	2116	42	10
1995-1999	1009	72	17

### *Pohjoissuomenkarja*

Pohjoissuomenkarjan rekisteröidyt eläinmäärät ovat samaa luokkaa ISK:n kanssa, eli hyvin pieniä, vasta syntymävuosiluokassa 1995–1999 on yli tuhat eläintä mukana (taulukko 6). Uusimman ikäluokan, eli vuosina 2015–2017 syntyneiden eläinten tehollinen populaatiokoko oli Gutiérrezin uudemman (2009) menetelmän mukaan laskettuna 78 yksilöä. 2000-luvulla rodun tehollinen populaatiokoko on noussut vuosituhannen alun 42 yksilöstä lähes puolella. Vuosille 1975–1994 ei pystytty laskemaan tehollisia populaatiokokoja, koska eläinmäärä aineistossa oli liian pieni. Tehollisen populaatiokoon avulla arvioitu sukusiitosasteen muutos sukupolvessa on vaihdellut tarkasteluhistoriassa 0,64 % - 1,20 % välillä.

Taulukko 6. Pohjoissuomenkarjan teholliset populaatiokoot eri syntymävuosiluokissa Gutiérrezin ym. (2009) menetelmän mukaan arvioituna.

<b>Vuosiluokka</b>	<b>N</b>	<b>Tehollinen populaatiokoko</b>	<b>Keskivirhe</b>
2015-2017	3082	78	10
2010-2014	5569	57	12
2005-2009	4628	51	11
2000-2004	2905	42	9
1995-1999	1294	50	11

### **5.3 Populaatioiden suurivaikutteiset kantaeläimet**

Kaikille roduille tunnistettiin kymmenen suurinta nykypopulaation kantaeläintä, eli suurimmat geneettiset kontribuutiot omaavat yksilöt. Nämä kantaeläimet olivat lähinnä vanhempia 1960- ja 1970-lukujen sonneja, mutta joukossa oli myös muutama 2000-luvulla syntynyt sonni sekä yhteensä neljä lehmää. Osalta tunnistetuista kantaeläimistä puuttuivat tiedot vanhemmista ja yhdeltä sonnilta puuttui myös oma syntymävuosi. Ulkomaista alkuperää (lähinnä ruotsalaisia) olevia sonneja löytyi erityisesti pohjoissuomenkarjan tärkeimmistä kantaeläimistä sekä ayrshiren listalta. Osa suomenkarjan rotujen suurimmista kantaeläimistä olivat geenipankkieläimiä.

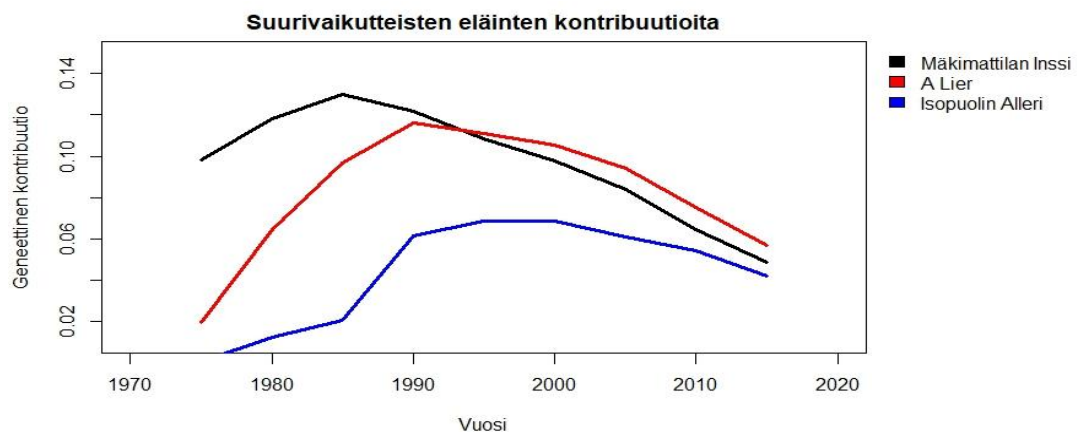
## Ayrshire

Ayrshiren populaatiossa ei löytynyt yhtään yli 6 % geneettisen kontribuution kantaeläintä (taulukko 7). Suurimman geenivaikutuksen nykypopulaatioon periyttänyt eläin oli A Lier –sonni 5,7 %:n kontribuutiolla. Mäkimattilan Inssi (4,8 %) on sonni, joka on ollut vuosikausia kahden suurimman kantaeläimen joukossa. Kymmenen kantaeläimen joukossa on useita ulkomaista alkuperää olevia sonneja, enimmäkseen ruotsalaisia. R Facet (4,9 %) erottuu joukosta ainoana 2000-luvulla syntyneenä sonnina.

Kuvassa 20 on esitetty kolmen vanhimman sonninin (Mäkimattilan Inssi, A Lier ja Isopuolin Alleri) geneettisen kontribuution kehityshistoriaa populaatiossa. Tarkasteluhistorian 1975–2017 aikana havaittu suurin geneettinen kontribuutio oli Mäkimattilan Inssillä (13,0 %) vuosina 1984–1989 -syntyneiden ikäluokkaan.

Taulukko 7. Kymmenen suurinta geneettistä kontribuutiota vuosina 2015–2017 syntyneiden ayrshire-rotuisten populaatioon.

gen.kontribuutio	nimi ja kknro	syntymävuosi	isä	emänisä
5,7 %	A Lier AAA 32605 C	1967	Dike A 39226 C	ei tietoa
5,5 %	Kangassalon Kelli AAA 40347 C	1996	Niemen Vernerin AAA 38824 C	Mikkolan Tina AAA 38297 B
5,3 %	Peterslund 1213 AAA 43002 C	1997	T Bruno AAA 40495 C	Hulan A 40570 D
4,9 %	R Facet AAA 45409 D	2004	Kildare Jerry AAA 41928 D	Vättergård AAA 41394 D
4,9 %	T Bruno AAA 40495 C	1990	Prästaboda A 40494 C	K. Bekkevold AAA 37840 C
4,8 %	Mäkimattilan Inssi AAA 26350 D	1960	Strömmen Volo AAA 21802 D	Kank Nero Errant AAA 15646 B
4,2 %	Isopuolin Alleri AAA 33787 C	1974	A Lier AAA 32605 C	Koivuniemen Oma AAA 30551 B
4,1 %	Laurilan Ipollo AAA 39984 D	1994	Uusitalon Uisti AAA 38459 D	Rantalan Junkkari AAA 35144 C
3,9 %	Backgård AAA 40499 B	1991	Tron AAA 39200 B	Anttilan Mehtari AAA 36460 C
3,8 %	Niemen Vernerin AAA 38824 C	1989	Anttilan Mehtari AAA 36460 C	Rantalan Jokeri AAA 35142 C



Kuva 20. Kolmen vanhimman ayrshire-sonnin geneettisen kontribuution kehitys populaatiossa vuosina 1975–2017.

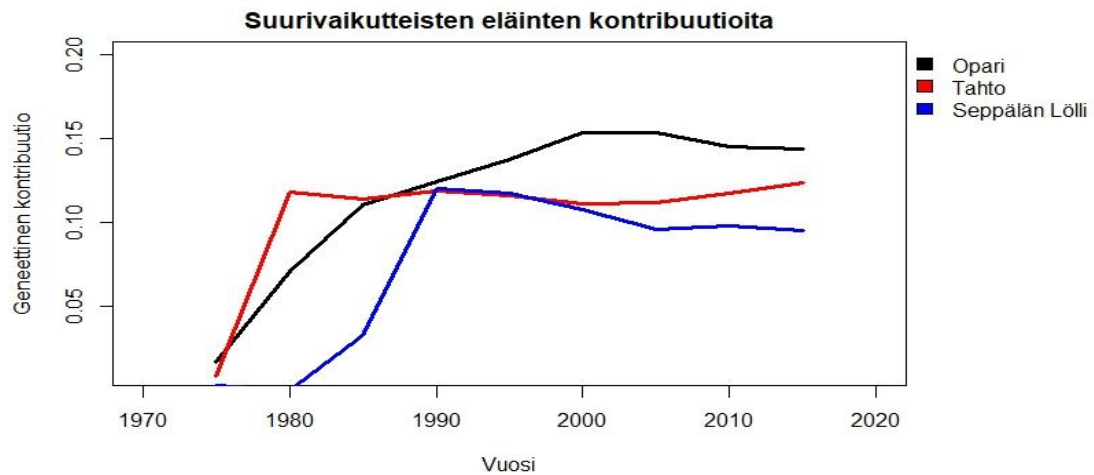
### *Länsisuomenkarja*

Länsisuomenkarjasta löytyivät joukon kovimmat prosentuaaliset periyttäjät. Kahden sonnin geneettinen kontribuutio nykypopulaatioon oli yli 12 % (taulukko 8). Oparin (14,4 %) vaikutus LSK:n populaatiossa on säilynyt kuvan 21 mukaan jo vuosikymmeniä noin 7- 15 % tasolla. Myös Oparin isä Upari ja poika Niittymäen Jere löytyvät kymmenen suurimman geneettisen kontribuution listalta. Toinen runsaasti edustettu suku listalla on 1950-luvun Tahto–sonni (12,3 %) kahden poikansa (Rynnistys ja Makarios) ja yhden pojanpoikansa (Juholan Ipa) kanssa. Listalta löytyi myös kaksi lehmää, joiden tietoja ei valitettavasti ollut käytettävissä.

Kuvassa 21 on esitetty kolmen listan ylimmän sonnin geneettisen kontribuution kehitys populaatiossa tarkasteluhistorian 1975–2017 aikana. Suurin laskettu geneettinen kontribuutio (15,4 %) oli sonnilla Opari, vuosina 2005–2009 syntyneiden ikäluokkaan. Kaikkien kolmen sonnin vaikutus populaatiossa on säilynyt melko lailla muuttumattomana aina 1990-luvulta tähän päivään.

Taulukko 8. Kymmenen suurinta geneettistä kontribuutiota vuosina 2015–2017 syntyneiden länsisuomenkarjan eläinten populaatioon.

gen.kontribuutio	nimi ja kknro	syntymävuosi	isä	emänisä
14,4 %	Opari SSS 13088 C	1966	Upari SSS 9301 C	Raineri S 8321 C
12,3 %	Tahto SSS 8612 B	1956	ei tietoa	ei tietoa
9,5 %	Seppälän Lölli SSS 13782 B	1980	Ahtialan Ölli SSS 13660 B	Rynnistys SSS 13322 B
9,2 %	Niittymäen Jere SSS 13745 C	1978	Opari SSS 13088 C	Pisto SSS 13195 B
7,8 %	Rynnistys SSS 13322 B	1968	Tahto SSS 8612 B	Reilu SSS 3447 C
7,5 %	Upari SSS 9301 C	1957	Pulmuri SSS 2550 C	Timantti S 11063 B
7,2 %	LEHMÄ			
6,2 %	LEHMÄ			
6,0 %	Makarios SSS 12331 B	1964	Tahto SSS 8612 B	Härmä S 11180 D
5,9 %	Juholan Ipa SSS 13739 B	1977	Rynnistys SSS 13322 B	Masi SSS 12683 C



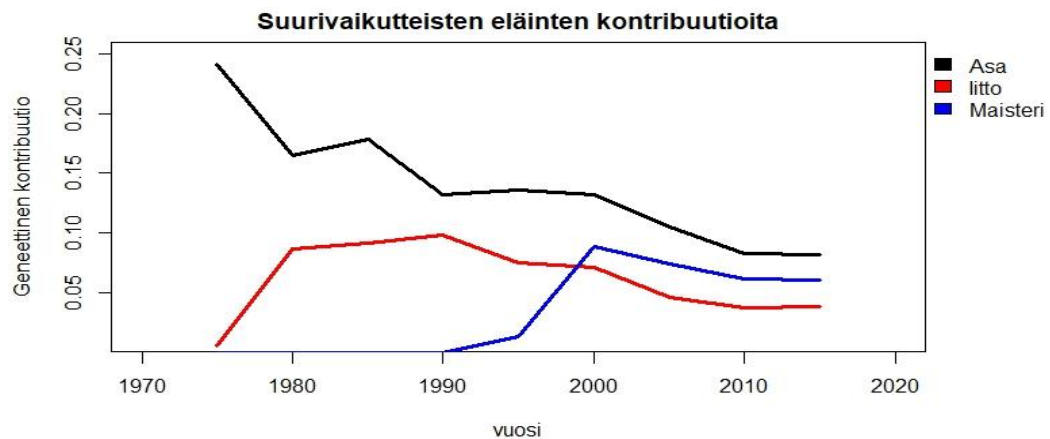
Kuva 21. Kolmen suurivaikutteisimmän LSK-sonnin geneettisen kontribuution kehitys populaatiossa vuosina 1975–2017.

### Itäsuomenkarja

Itäsuomenkarjan nykypopulaatioon eniten vaikuttanut yksilö on Asa\_ISK (8,2 %). Asan poikia ovat Maisteri Isk (6,0 %) ja Otmari Isk (4,9 %) (taulukko 9). Listalta löytyy myös kaksi lehmää, joille ei ole saatavissa tarkempia tietoja. Itäsuomenkarjalla oli enemmän puutteita sukupuutiedoissa kuin ayrshirellä ja länsisuomenkarjalla. LSK:hon verrattuna suurimmat geneettiset kontribuutiot ovat ISK:lla hieman maltillisemmat. Kuvassa 22 on esitetty kolmen vanhimman ISK-sonnin (Asa, Iitto ja Maisteri) geneettisen kontribuution kehitys populaatiossa. Suurin laskettu geneettinen kontribuutio oli sonnilla Asa\_ISK (24,1 %) vuosina 1975–1979 syntyneiden ikäluokkaan. Näiden kolmen vanhimman sonnin kontribuutio populaatioon oli selvässä laskussa 2000-luvun alussa, mutta näyttää tasoittuneen 2010-luvulla (kuva 18).

Taulukko 9. Kymmenen suurinta geneettistä kontribuutiota vuosina 2015–2017 syntyneiden itäsuomenkarjan eläinten populaatioon.

gen.kontribuutio	nimi ja kknro	syntymävuosi	isä	emänisä
8,2 %	Asa_ISK SSS 9870	1957	Kauhu 71 ISK SSS 71	ei tietoa
7,7 %	Opus Isk S 13230	1966	Iitto Isk SSS 11400	Pohjolan Voima S 1025
6,0 %	Maisteri Isk S 12645	1964	Asa_ISK SSS 9870	Kuri ISK S 7837
5,3 %	Sorosen Iiro Isk S 14091	1994	ei tietoa	ei tietoa
4,9 %	Otmari Isk S 13015	1966	Asa_ISK SSS 9870	Tuuri S 8723
4,1 %	LEHMÄ			
3,9 %	Koivulinnan Uuno Isk S 14339	2005	Konna Isk S 14089	Nikolan Mörssäri Isk S 14076
3,9 %	Iitto Isk SSS 11400	1960	Into SSS 3382	ei tietoa
3,9 %	LEHMÄ			
3,8 %	Tossavaisen Poju Isk S 13921	ei tietoa	ei tietoa	ei tietoa



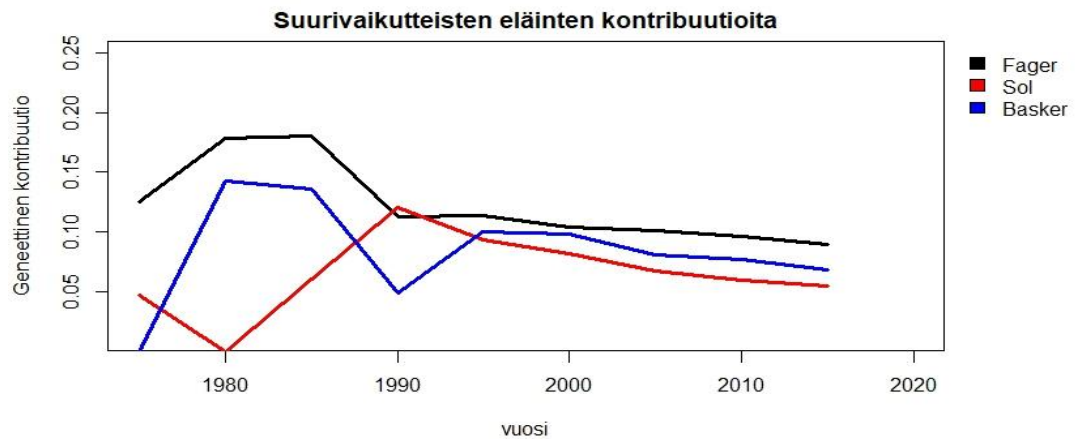
Kuva 22. Kolmen vanhimman ISK-sonnin geneettisen kontribuution kehitys populaatiossa vuosina 1975–2017.

### Pohjoissuomenkarja

Pohjoissuomenkarjan nykypopulaatioon (2015–2017 syntyneet) suurimman geneettisen kontribuution laskelmissa sai Fager-sonni yhdeksän prosentin vaikutuksella. Fagerin suku onkin edustetuin listalla, jolta löytyy myös Fagerin pojat Basker (6,8 %) ja Figer (6,4 %), sekä Figerin poika, Rantamaan Oskari (7,1 %). Basker löytyy myös emänisänä sonnille Tokkolan Halti (5,8 %). Huomattavan moni listan sonneista on ruotsalaista alkuperää. Kuvassa 23 on esitelty kolmen vanhimman sonnien (Fager, Sol ja Basker) geneettisen kontribuution kehityshistoriaa populaatiossa. Kolmen vanhimman sonnien geneettiset kontribuutiot eivät ole pienentyneet merkittävästi viime vuosina (kuva 23).

Taulukko 10. Kymmenen suurinta geneettistä kontribuutiota vuosina 2015–2017 syntyneiden pohjoissuomenkarjan eläinten populaatioon.

gen.kontribuutio	nimi ja kknro	syntymävuosi	isä	emänisä
9,0 %	Fager Psk SSS 13760	1967	Lutar S 13938	ei tietoa
7,1 %	Rantamaan Oskari Psk S 13866	1983	Figer Psk SSS 13808	Sol Psk SSS 13762
7,0 %	Hägglunds Uman Psk S 14341	2005	Levis Psk S 14282	Bör Psk S 13990
6,8 %	Basker Psk SSS 13838	1974	Fager Psk SSS 13760	Ringe S 13955
6,4 %	Figer Psk SSS 13808	1974	Fager Psk SSS 13760	ei tietoa
5,8 %	Sipilän Marius Psk S 14130	1998	Delta Psk S 14058	Sorjosen Veikko Psk S 13913
5,8 %	Tokkolan Halti Psk S 14003	1993	Rimbo Psk S 13954	Basker Psk SSS 13838
5,5 %	Sol Psk SSS 13762	1971	ei tietoa	ei tietoa
5,1 %	Lapinpoika Psk S 13896	1986	ei tietoa	Syväoan Mökö SSS 13817 C
5,1 %	Gunde Psk SSS 14206	2000	Gute Psk S 14205	Leo S 14204



Kuva 23. Kolmen vanhimman PSK-sonnin geneettisen kontribuution kehitys populaatiossa vuosina 1975–2017.

## 6 TULOSTEN TARKASTELU

Sukupuun analysointiin perustuva monimuotoisuuden tarkastelu sisältää monia heikkouksia, joita ovat ainakin sukupuudatan kattavuus ja laatu (Oliehoek ja Bijma 2009). Sukupuuanalyysi ei ota huomioon myöskään vanhemmilta jälkeläiselle periytyvien alleelien sattumanvaraisuutta (Hill ja Weir 2011).

Tässä tutkielmassa sukupuun kattavuus olisi voinut olla parempi suomenkarjan roduilla. Suomenkarjan eläinmäärät aineistossa eivät täysin vastanneet kirjallisuudessa mainittuja määriä olemassa olleista eläimistä. Alkuperäisestä suomenkarjan aineistosta jouduttiin lisäksi karsimaan runsaasti eläimiä, koska yhteistä linkkiä pääpopulaatioon ei löytynyt. Sukusiitoksen muutoksen sukupolvessa tarkasteluun aineiston koko oli kuitenkin riittävä kaikilla roduilla viimeistään 1990-luvulta lähtien.

### 6.1. Keskimääräisen sukusiitosasteen ja sukulaistumisen kehitys

Keskimääräisen sukusiitosasteen kasvu nautapopulaatioissa on universaali trendi. Populaation jalostuseläinten keskinäinen sukulaistuminen vähentää paritussuunnittelun mahdollisuuksia välttää sukusiitosasteen kasvua tulevaisuudessa.



Tutkimustuloksia sukusiitosasteen kehityksestä viime vuosikymmenien ajalta löytyy useilta lypsykarjaroduilta, esimerkiksi holsteinilta, ayrshireltä, jerseyiltä, guernseyiltä sekä tanskan punaiselta (Sørensen ym. 2005, Maiwashe ym. 2006, Hammami ym. 2007, Stachowcz ym. 2011, Melka ym. 2013). Kaikissa tutkimuksissa on havaittu sukusiitosasteen muutoksia vuositasolla (0,1–0,5 %) sekä sukupolvessa (0,3–1,26 %).

Genomitiedon avulla lasketut monimuotoisuutta mittaavat parametrit saavat yleensä suurempia estimaatteja sukusiitokselle kuin sukupuutietoon perustuva laskenta (Li ym. 2011, Martikainen ym. 2017, Doekes 2018). Martikaisen ym. (2017) tutkimuksessa vertailtiin suomalaisen ayrshiren sukupuutiedoista laskettua sukusiitosta genomitiedon (homotsygoottisten alueiden) avulla laskettuihin arvoihin. Sukusiitosasteen keskiarvo 2002–2014 syntyneiden lehmien aineistosta sukupuutietojen avulla laskettuna oli 3 % ja genomitietojen perusteella 10 %. Genomitietoon perustuva sukusiitoksen arviointi on tulevaisuutta ja sen avulla voidaan jo nyt arvioida eri genomialueiden homotsygotia-astetta yksilöiden välillä, täyttää konsensusta genomisesta sukusiitosasteen arviointitavasta ei kuitenkaan vielä ole saavutettu (Martikainen ym. 2017).

### *Ayrshire*

Ayrshire-populaation sukusiitosasteen kehitys on tarkasteltuna ajanjaksona pysynyt hyvin maltillisena, verrattuna moniin maailmalla tehtyihin tutkimuksiin sukusiitosasteen kehityksestä lypsykarjan valtaroduilla. Keskimääräiset vuosittaiset muutokset sukusiitosasteessa vuosien 2000–2007 välillä olivat Stachowczin ym. (2011) tutkimuksessa kanadalaisella holsteinilla ja jerseyllä 0,08 ja 0,10 prosenttia. Sukupolven väliset ajat tutkimuksen mukaan olivat 5,45 sekä 5,83, jolloin sukusiitoksen muutokset sukupolvessa olivat 0,44 ja 0,93 prosenttia. Melka ym. (2013) saivat kanadalaisessa tutkimuksessaan ayrshiren sukusiitosasteen muutokseksi vuosina 2003–2007 syntyneiden sukupolvessa 0,93 prosenttia. Tässä tutkielmassa saatu suomalaisen ayrshiren sukusiitosasteen muutos 2005–2009 syntyneiden ikäluokassa oli 0,58 prosenttiyksikköä pienempi verrattuna kanadalaistutkimukseen. Ayrshiren sukulaistumisen hallinta näyttää mahdollistavan maltillista sukusiitosasteen kehitystä myös tulevilla sukupolvilla, jos sukulaisparituksia tietoisesti vältetään.

Ayrshiren hyvää tilannetta selittänee yhteispohjoismaiseen jalostusohjelmaan siirtyminen 2010-luvulla, jolloin populaatioon on sekoittunut yhä enemmän muita pohjoismaisia punaisia rotuja. Ayrshiren eläinmäärät aineistossa olivat melko suuret, joten sen puolesta tuloksia voi pitää luotettavina. Genomisen valinnan, joka alkoi vuonna 2011, vaikutusta sukusiitokseen on vielä vaikea havaita tämän tutkielman tuloksista, koska sen alkaminen sijoittuu samaan aikaan yhteispohjoismaisen jalostusohjelman kanssa, joka toi mukanaan laajempaa geeniaineksen sekoittumista. Pohjoismaisen punaisen rodun yksittäisten eläinten rotuprosentit merkitään yhä eläimen kantakirjaan, joten vielä ei voida puhua täysin yhdestä rodusta ja teoriassa rodut olisi vielä mahdollista jalostaa puhtaiksi.

Kotimainen tutkimus ayrshiren monimuotoisuudesta löytyi vuodelta 2004 (Vahlsten ym. 2004). Ayrshire-lehmien sukusiitosasteen muutos sukupolvessa oli keskimäärin 0,31 prosenttiyksikköä aikavälillä 1986–1999. Sonniien vastaava muutos sukupolvessa oli 0,20 prosenttiyksikköä aikavälillä 1976–1999. Tuolloin oltiin huolissaan ayrshiren liian nopeasta sukulaistumisesta, tähän ongelmaan reagointi on havaittavissa keskimääräisen sukusiitosasteen ja sukulaistumisen kehityksen muutoksessa vuosituhaten vaihteesta alkaen.

### *Länsisuomenkarja*

LSK:n keskimääräinen sukusiitosasteen kehitys tarkasteltuna ajanjaksona on ollut tasaisesti nousevassa trendissä. Tässä tutkielmassa saadut tulokset LSK:n keskimääräisistä sukusiitosasteista ovat hieman poikkeavia aiempien tietojen kanssa (Sjöblom 2017, Vahlsten 2018). Vahlstenin (2018) esitelmän mukaan LSK:n sukusiitosaste on ollut 6 %:n luokkaa koko 2000-luvun ja Sjöblomin (2017) gradussa LSK:n koko populaation keskimääräinen sukusiitosaste nousi yli 6 %:n vuonna 2014. Eroa selittänee esimerkiksi erilainen aineiston rajausta sukupuun syvyyden vaatimuksesta.

Sukusiitosasteen suoraviivaista kasvua selittänee, että LSK:n jalostusohjelmassa tuotosominaisuuksilla on ollut suhteellisesti suurempi painoarvo, kuin populaation monimuotoisuuden säilyttämisellä. LSK:n populaatiossa havaittu sukulaistumisen kasvu jalostuseläinten keskuudessa heijastuu myös sukusiitosasteen kasvuun. Tulevaisuudessa, jos sukulaistumista ei saada hallintaan, kasvavat myös keskimääräiset sukusiitosasteet.

LSK:n tulevaisuuden haaste on ylläpitää populaation koko tarpeeksi suurena, jotta siinä on mahdollista tehdä jalostusvalintaa, koska rodun trendi kokonaiseläinmäärässä näyttää laskevalta. LSK:n jalostuksessa on kuitenkin jo herätty nopeaan sukusiitosasteen nousuun ja tänä vuonna päättyy 4-vuotinen vanhojen sonnien käyttöönottoprojekti, jossa otettiin käyttöön vanhoja erisukuisia sonneja tuomaan monimuotoisuutta populaatioon. Projektin tuloksia ei ole vielä havaittavissa ainakaan sukusiitoksen laskuna, koska erisukuisten sonnien geenien yleistymisen populaatiossa kestää vuosia (Sjöblom 2017).

### *Itäsuomenkarja*

ISK:n pieni populaatiokoko aiheuttaa vaihtelua keskimääräisessä sukusiitosasteessa peräkkäistenkin vuosien välille. Trendi sukusiitosasteenkehityksessä on kuitenkin tasoittumaan päin pitkään jatkuneen nousun jälkeen. Vahlstenin (2018) esityksen mukaan ISK:n keskimääräinen sukusiitosaste on tuoreimman tiedon mukaan noin 2–4 %:n luokkaa, tuolle välille sopivat myös tässä tutkielmassa saadut tulokset. ISK:n sukusiitosasteen kasvun tasaantuminen antaa viitteitä siitä, että pienessä suljetussakin populaatiossa on mahdollista kontrolloida sukusiitoksen kehitystä. Jalostuseläinten sukulaistumisen hallinta vaikuttaa ISK:lla sukusiitosasteen positiivisesti ja nykyisillä sukulaisuuksilla keskimääräinen sukusiitosaste voi vieläkin hieman pienentyä.

Itäsuomenkarjalla ei ole samalla tavalla tuotannollisia jalostustavoitteita kuin LSK:lla ja valtaroduilla, mitkä aiheuttaisivat valintapaineita, joten ISK:lla erilaisten sukulinjojen säilyttämiselle voi antaa jalostuksessa suuren painoarvon. ISK:n eläinmäärä ei näyttäisi olevan tällä hetkellä laskusuunnassa, mikä on monimuotoisuuden ylläpitoa helpottava huomio.

### *Pohjoissuomenkarja*

Kuten ISK:lla myös PSK:lla pieni populaatiokoko aiheuttaa vaihtelua keskimääräisessä sukusiitosasteessa peräkkäisten vuosien välille. PSK:n trendi sukusiitosasteen kehityksessä ei ole ollut yhtä jyrkkä kuin LSK:lla tai ISK:lla. Trendi on ollut jo joitakin vuosia alaspäin. PSK:n tilanteeseen vaikuttaa, että rotuun on tuotu ja tuodaan edelleen geeniaineesta ruotsalaisesta tunturirodusta, fjällkosta. Vahlstenin (2018) esityksen mukaan PSK:n keskimääräinen sukusiitosaste on tällä hetkellä samaa 2–4 %:n luokkaa kuin ISK:n. Samansuuntaiseen tulokseen tultiin myös tässä tutkielmassa. Sukulaistuminen PSK:n jalostuseläinten keskuudessa ei tämän tutkielman mukaan näytä lisääntyneen

moneen vuoteen, mikä viittaa sukusiitoksen hallinnan mahdollisuuksiin myös lähitulevaisuudessa. PSK:n eläinmäärässä näkyy pientä laskua aivan viime vuosina, mikä ei monimuotoisuuden ylläpidon kannalta ole toivottavaa kehitystä.

## 6.2 Teholliset populaatiokoot

Teholliset populaatiokoon arviot perustuvat aineistossa havaittuun sukusiitosasteen muutokseen sukupolvessa. Tästä seuraa, että aineiston pienet eläinmäärät tarkastelujakson alkuvaiheilta aiheuttavat harhaanjohtavan suuria estimaatteja populaation tehollisesta populaatiokoosta erityisesti pienemmille roduille ISK:lle ja PSK:lle. Näiden keskimääräinen sukusiitosaste vaihteli pienempien ja suurempien arvojen välillä, ollen kuitenkin usein myös nolla. Yleisesti tehollisesta populaatiokoosta voidaan sanoa, että mitä pienempi se on, sitä nopeammin sukusiitos populaation sisällä yleistyy ja aiheuttaa negatiivisia vaikutuksia esimerkiksi elinvoima- sekä tuotosominaisuuksiin (Falconer ja Mackay 1996). Pienissä populaatioissa, kuten suomenkarjan roduilla jalostusohjelman painopisteen tulisi olla tehollisen populaatiokoon maksimoinnissa, eli käyttämällä jalostukseen mahdollisemman paljon erisukuisia sonneja, koska se on varmin tapa säilyttää geneettistä monimuotoisuutta populaatiossa (Fernández ym. 2011).

### *Ayrshire*

Tässä tutkielmassa saatu ayrshiren tehollinen populaatiokoko (163) on erittäin hyvä verrattuna kirjallisuudessa mainittuihin muihin tutkimuksiin lypsyrotuisten nautojen tehollisista populaatiokoista. Tulos ei kuitenkaan ole epäilyttävän suuri, koska samansuuntaisen tuloksen sai myös Weigel (2001) tutkimuksessaan Yhdysvaltojen ayrshiren tehollisesta populaatiokoosta (161). Samassa tutkimuksessa olivat mukana myös rodut brown swiss, guernsey, holstein ja jersey. Näille tehollisen populaatiokoon estimaatit olivat 61, 65, 39 ja 30 tässä järjestyksessä. Maiswashen ym. (2006) tutkimuksessa Etelä-Afrikan ayrshiren tehollinen populaatiokoko oli 148, samassa tutkimuksessa saatiin myös muille valtaroduille verrattain suuret tehollisen populaatiokoon estimaatit guernseylle 165, holsteinille 137 sekä jerseyille 108.

Myös pienempiä tehollisia populaatiokokoja on saatu tutkimuksissa punaisilla roduilla. Sørensen ym. 2005 tutkimuksessa tanskalaisilla lypsyroduilla, Tanskan punaisen rodun tehollinen populaatiokoko oli 47 vuonna 2003 syntyneillä eläimillä. Melkan ym. (2013) tutkimuksessa tehollinen populaatiokoko oli Kanadan ayrshirelle vain 54. Genomiseen tietoon perustuvassa tutkimuksessa suomalaisen ayrshiren tehollisen populaatiokoon arvio oli 135 yksilöä (Iso-Touru ym. 2016).

Tässä tutkielmassa havaittu tehollisen populaatiokoon kasvu 2010-luvun vaihteessa sijoittuu ajallisesti samaan kuin yhteispohjoismainen jalostusohjelma, joten kasvua tehollisessa populaatiokoossa selittänee osittain runsaampi geeniaineksen sekoittuminen pohjoismaisten populaatioiden välillä. Tehollinen populaatiokoko on kansainvälisesti tunnustettu monimuotoisuutta kuvaava parametri, joten voidaan pohtia, voisiko pohjoismainen yhdistetty punainen rotu menestyä kansainvälisillä markkinoilla monimuotoisuuttaan paremmin brändäämällä, koska sillä se erottuu edukseen verrattuna valtarotuihin holsteiniin ja jerseyhyn.

### *Länsisuomenkarja*

Tehollinen populaatiokoko LSK:lla on 2000-luvulla kasvanut, mikä on positiivista kehitystä. Tässä tutkielmassa saatu tehollisen populaatiokoon arvio on kuitenkin vielä kaukana turvallisena pidetystä raja-arvosta 100. Muiden tutkimusten teholliset populaatiokoot paljon määrällisesti suuremmille lypsyroduille ovat kuitenkin usein jopa pienempiä kuin tässä tutkielmassa LSK:lle saatu tehollinen populaatiokoko. Esimerkiksi Melkan ym. (2013) tutkimuksessa viidellä kanadalaisella lypsyrodulla, kaikkien teholliset populaatiokoot olivat välillä 40–66. Sørensenin ym. (2005) tutkimuksessa yleisimmillä tanskalaisilla lypsyroduilla teholliset populaatiokoot olivat välillä 47–53. Sjöblomin (2017) gradussa LSK:n teholliseksi populaatiokooksi saatiin 103, joskin tässä tapauksessa tehollinen populaatiokoko laskettiin koko tarkasteluajavälille 1950–2014. Genomitietoon pohjautuvassa Iso-Tourun ym. (2016) tutkimuksessa LSK:n tämän hetkiseksi teholliseksi populaatiokooksi arvioitiin jopa 108 yksilöä.

### *Itäsuomenkarja*

Tässä tutkielmassa ISK:n tuoreimmille eläinryhmille lasketut teholliset populaatiokoot olivat hyvin samansuuntaisia kuin Liljan ym. (2009) artikkelissa esittämä ISK:n

tehollisen populaatiokoon arvio 40–60 yksilöä. ISK:n tehollisen populaatiokoon arvio oli pienempi kuin suositeltu minimi 50 yksilöä, vuosien 2000–2014 välillä syntyneiden eläinten aineistosta laskettuna. Tehollinen populaatiokoko on viime vuosina saatu nousuun mikä johtunee sukusiitoksen kasvun saamisesta hallintaan.

ISK:n kantaa alettiin elvyttämään 1980-luvulla, jolloin puhdasrotuisia yksilöitä oli jäljellä noin 50 lehmää ja 10 sonnia (Lilja ym. 2009). Näillä eläinmäärillä ja tällä sukupuolijakaumalla tehollinen populaatiokoko olisi alkutilanteessa ollut korkeintaan 33, koska  $N_e = \frac{4NmNf}{Nm+Nf}$  (Falconer ja Mackay 1996). Genomiseen tietoon perustuvassa Iso-Tourun ym. (2016) tutkimuksessa ISK:n tehollisen populaatiokoon arvio oli peräti 104 yksilöä. Tätä kohtuullisen korkeaa tehollisen populaatiokoon arviota selitettiin ISK:n melko eriytyneiden osapopulaatioiden yhdistymisellä 1980-luvulla, kun rotua alettiin elvyttämään (Iso-Touru ym. 2016).

### *Pohjoissuomenkarja*

PSK:n tehollisessa populaatiokoossa näyttäisi tämän tutkielman tulosten perusteella tapahtuneen 2000-luvun alun jälkeen positiivista kasvua. Erityisesti viime vuosina näyttäisi tapahtuneen suuri harppaus tehollisen populaatiokoon kasvussa. Luken arvio PSK:n tehollisesta populaatiokoosta on ollut 40–50 (Luke 2018a). PSK:n lähtötilanne 1980-luvulla oli vain parikymmentä puhdasrotuista lehmää (Luke 2018b). Iso-Tourun ym. (2016) genomitutkimuksessa PSK:n tehollisen populaatiokoon arvio oli 56 yksilöä, eli hyvin lähellä sukupuuaaineistosta laskettua arviota. Kasvua tehollisessa populaatiokoossa selittänee osin ruotsalaisen tunturirodun, fjällkon käyttö PSK:n jalostuksessa.

Fjällkon käyttö ei kuitenkaan ole ollut täysin ongelmaton, vaan on tuonut mukanaan esimerkiksi fjällkolla yleisen geenimutaation, joka aiheuttaa sonnien kiveksien vajaakehitystä ja vaikuttaa myös naaraiden hedelmällisyyteen (Venhoranta ym. 2013). Toisaalta fjällkon käyttö voidaan myös nähdä välttämättömänä toimena rodun säilyttämiseksi, rotuna fjällko on geneettisesti lähin sukulainen (Kantanen ym. 2000) ja siksi luultavasti paras valinta.

### 6.3 Populaatioiden suurivaikutteiset kantaeläimet

Suuremmat geneettiset kontribuutiot muutamilla listan kärkipään eläimillä viittaavat yleensä ankarampaan jalostuseläinten huippuyksilöiden käyttöön (Sørensen ym. 2005). Tutkitut eläinten kokonaiskontribuutiot eivät summaudu sataan, koska listan eläimet ovat usein keskenään sukua, jolloin ne kantavat osittain samoja geenejä. Tässä tutkielmassa tunnistettujen suurivaikutteisten eläinten keskinäisiä sukulaisuuksia tutkittiin Faban [wwwsonni-palvelusta](#). Sørensenin ym. (2005) tutkimuksessa löydettiin 10 suurinta kokonaiskontribuutiota kolmelle eri lypsyrodulle (holstein, jersey & Tanskan punainen). Suurimmat geneettiset kontribuutiot kunkin rodun listan ensimmäisillä olivat 13,8 %, 12,1 % ja 9,4 % tässä järjestyksessä. Sijojen 2-10 eläinten kokonaiskontribuutio %:t vaihtelivat välillä 2,5–12,0 %. Keskimäärin tanskan punaisen listan kokonaiskontribuutiot olivat aina pienempiä kuin vastaavat holsteinin ja jersey:n kontribuutiot. Saman tutkimuksen mukaan tanskan punainen oli myös muiden monimuotoisuutta mittaavien parametrien perusteella näistä kolmesta rodusta geenipooliltaan laajin (Sørensen ym. 2005). Lisäämällä jalostukseen käytettävien eläinten määrää, lypsykarjan tapauksessa keinosiemennykseen valittavien sonnien määrää voidaan geneettistä kontribuutiota jakaa suuremmalle joukolle, jolloin kantavanhempien keskimääräinen vaikutus populaatioon pienenee vähitellen (Woolliams 2006).

Jalostuseläinten määrän kasvattaminen toisaalta hidastaa geneettistä edistymistä, toisaalta jalostusohjelman täytyy punnita sukulaistumisen ja perinnöllisen edistymisen painoarvoja rodun tulevaisuuden kannalta. Jalostusorganisaatio voi laajentaa tarjoamaansa valikoimaa eri sukuisilla sonneilla, mutta myös karjanomistajien omat jalostuspreferenssit vaikuttavat paljon siihen mitkä eläimet loppupelissä päätyvät jatkamaan sukua. Suomenkarjan roduilla on olemassa geenipankkiin säilöttyä geneettistä materiaalia (sukusoluja ja alkioita), joista on mahdollista saada populaatioon lisää geneettistä vaihtelua. Geenipankkieläinten perinnöllinen taso on yleensä alhaisempi, kuin nykypopulaatiossa keskimäärin, joten niiden on vaikea kilpailla esimerkiksi tuotoksessa ja siten saavuttaa suurta suosiota ilman erityisiä tukitoimia.

### *Ayrshire*

Ayrshiren suurimmat kokonaiskontribuutiot ovat hyvin maltillisia verrattuna Sørensenin ym. (2005) tutkimuksen tuloksiin. Listan ensimmäinen sonni A Lier on norjalainen tuontisonni, jonka tuntematon alkuperä on ayrshirestä poikkeava. A Lier löytyy listalta ainakin viiden sonnin sukupuusta (Isopuolin Allerin, Niemen Vernerin, Kangassalon Kellin, Backgårdin, sekä Laurilan Ipollon). Mäkimattilan Inssi löytyy vastaavasti ainakin kolmen listan sonnin sukupuusta (Laurilan Ipollon, R Facetin ja Peterslundin). Ruotsalaisen T Brunon jälkeläisistä listalla on tietävästi vain Peterslund. Käytännössä kymmenen suurimman geneettisen kontribuution listalla on vain kolmen eri sonnin sukulaisia. Yksittäisten listan eläinten kokonaiskontribuutiot vaihtelivat välillä 3,8–5,7 %, näitä voidaan pitää suhteellisen matalina prosentteina. Nykyajan jalostusohjelmissa sonnien jälkeläismääriä on yleensä rajoitettu tuottamalla rajoitettu määrä siemenannoksia per. sonni, jolloin yhden sonnin vaikutus ei enää voi nousta yhtä korkealle kuin esimerkiksi 1960-luvun parhailla sonneilla. Näiden listan vanhimpien suurivaikutteisten ayrshire-sonnien kontribuutio populaatiossa on kuitenkin laskenut huomattavasti viime vuosina, joka viittaa eri sukuhaarojen lisääntyneeseen käyttöön.

### *Länsisuomenkarja*

LSK:n nykypopulaatioon (2015-2017 syntyneiden ryhmä) 10 suurimmasta geneettisen kontribuution tuojasta ainakin kahdeksan on sukua joko Tahto-sonnille tai Upari-sonnille. LSK:n suurimmat geneettiset kokonaiskontribuutiot ovat pitkälti samoilla eläimillä, kuin Sjöblomin (2017) gradussa. Joitakin poikkeuksia ovat Sjöblomin (2017) listan sijalta 3 löytyvä Pennalan Vekkuli (9,8 %) sekä sijalla kuusi oleva Rajakallion Vesseli (7,8 %), nämä sonnit eivät olleet tässä tutkielmassa kymmenen suurimman geneettisen kontribuution listalla. Pennalan Vekkuli ja Rajakallion Vesseli kuuluvat kuitenkin samaan sukulinjaan Tahto-sonnin kanssa.

Yksittäisten eläinten kokonaiskontribuutiot vaihtelivat tässä tutkielmassa välillä 5,9–14,4 %. Verrattuna ayrshiren vastaaviin lukuihin, LSK:n yksittäisten eläinten kokonaiskontribuutiot olivat paljon suurempia. LSK:n kokonaiskontribuutiot ovat hyvin samankaltaisia kuin Sørensenin tutkimuksen (2005) holsteinin kontribuutioprosentit. Hieman huolestuttavaa on, että LSK:n kolmen suurivaikutteisimman sonnin vaikutus



populaatiossa ei ole vähentynyt juurikaan viimeisen 15 vuoden aikana. Tahto-sonnin vaikutus on päinvastoin jopa noussut aavistuksen tuona aikana. Hiemstran ym. (2010) tutkimuksen mukaan OCS olisi paras työkalu perinnöllisen monimuotoisuuden hallintaan, joten sitä voisi harkita avuksi LSK:n jalostusvalintaan. Genomisen tiedon hyödyntäminen ja geenimarkkerien kehitys tulee tulevaisuudessa täydentämään sukupuun tarjoamaa informaatiota sukulaisuuslaskennassa (Fernández ym. 2011). LSK:n jalostuksessa sukulaistumista pyritään ehkäisemään tällä hetkellä valitsemalla keinosiemennykseen vain sonneja, joiden sukulaisuus aktiivilehmiin on alle 12 %.

### *Itäsuomenkarja*

ISK:n nykypopulaatioon suurimman geneettisen kontribuution omaavien listalla on paljon keskenään sukua olevia yksilöitä, mikä on melko yleistä kokonaiskontribuutioita tarkasteltaessa. Asan ja tämän poikien Maisterin ja Otmarin lisäksi Koivumäen Uuno on myös emän puolelta samaa sukua, koska Uunon emänisänsä on Maisteri. Toinen erilliseksi tunnistettava haara on Iitto ja tämän poika Opus. Näiden kahden sukuhaaran lisäksi listalta löytyy kaksi lehmää, sekä kaksi sonnia, joiden sukulaisuudet eivät ole saatavilla wwwsonnista. Kokonaiskontribuutiot vaihtelivat välillä 3,8–8,2 %, jotka ovat keskimäärin hieman alempia kuin LSK:lla, mutta hieman suurempia kuin AY:llä.

### *Pohjoissuomenkarja*

Kaikki suurivaikutteisimmat eläimet pohjoissuomenkarjan nykypopulaatioon ovat tietävästi sukua joko Fagerille tai Solille, paitsi Lapinpoika, joka on sukua LSK:n suurivaikutteisimmalle kantaeläimelle, Opari-sonnille. PSK:lta tunnetaan 3 suomalaista alkuperää olevaa sukuhaaraa ja viisi muuta sukuhaaraa ovat lähtöisin fjällkosta (Ahlman 2019). PSK:n kokonaiskontribuutioprosentit vaihtelivat välillä 5,1–9,0 %, eli olivat keskimäärin hieman ISK:ta korkeammat, mutta LSK:ta alhaisemmat.

## 7 JOHTOPÄÄTÖKSET

Tämän tutkielman tavoitteena oli tutkia ayrshiren ja suomenkarjan eri rotujen perinnöllistä monimuotoisuutta saatavilla olevien sukupuutietojen avulla, keskittymällä sukusiitosasteen ja sukulaistumisen kehitykseen sekä populaatioiden tehollisiin populaatiokokoihin. Lisäksi tavoitteena oli tunnistaa merkittäviä kantaeläimiä, joilla on ollut suuri vaikutus nykypopulaatioon.

Tässä tutkielmassa saadut tulokset osoittavat, että ayrshiren monimuotoisuus on toistaiseksi kestäväällä tasolla, keskimääräinen sukusiitosaste on pysynyt hyvin hallinnassa ja tehollinen populaatiokoko on turvallisen suuri. Ayrshiren tulokset olivat melko hyvin linjassa aiheesta tehtyjen tutkimusten tuloksien kanssa. Toisaalta maltillista muutosta selittää paljon pohjoismainen jalostusyhteistyö, mikä on tuonut suomalaiseen ayrshireen vaihtelua muista punaisista roduista.

Tällä hetkellä Suomen alkuperäisrotujen tilanne monimuotoisuudessa näyttää olevan parantumaan päin, säilytystyö erityisesti pohjois- ja itäsuomenkarjan kanssa vaikuttaa lupaavalta. Länsisuomenkarjan populaation tilanne vaatii tarkkaa sukusiitoksen kasvun seurantaa ja mahdollisesti geneettisen edistymisen hidastamista. Suomenkarjan kaikilla kolmella rodulla, tehollinen populaatiokoko vaatii tarkkailua. Suurimman geneettisen kontribuution nykypopulaatioon omaavien sonnien jälkeläisten käyttöä tulisi jalostuksessa harkita tarkasti, jos halutaan lisätä populaation monimuotoisuutta.

Genomitiedon hyödyntäminen tulee toivottavasti tulevaisuudessa tarjoamaan yhä tarkempia työkaluja sukusiitoksen arviointiin sekä hallintaan. Uhanalaisissa roduissa monimuotoisuuden ylläpito on pitkällä tähtäimellä tärkeämpää kuin perinnöllinen edistyminen tuotanto-ominaisuuksissa, koska sukulaistumisesta väistämättä seuraava sukusiitos tuo mukanaan ongelmia, jotka entisestään vähentää rodun houkuttelevuutta ja pienentää populaation kokoa.

## 8 KIITOKSET

Haluan kiittää ohjaajaani kotieläinten jalostustieteen professoria Pekka Uimaria, sekä omien maisterintutkielmiensa parissa työskennelleitä ystäviäni, joilta saatu vertaistuki oli tämän tutkielman valmistumisen kannalta erityisen tärkeässä roolissa.

## LÄHTEET

Ahlman. 2019. Pohjoissuomenkarja. <http://www.ahlman.fi/pohjoissuomenkarja>. Viitattu 19.3.2019.

Arktinen keskus, Lapin yliopisto. 2019. Lapinlehmä eli pohjoissuomenkarja rotuna. <https://www.arcticcentre.org/FI/Lappari/Lapinlehma>. Viitattu 22.1.2018

Boichard, D., Maignel, L. & Verrier, E. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics, Selection, Evolution* 29: 5-23.

Clark, S. A., Kinghorn, B. P., Hickey, J. M. & Werf, J. H. J. 2013. The effect of genomic information on optimal contribution selection in livestock breeding programs. *Genetics, Selection, Evolution* 45:44.

Curik, I., Ferenčaković, M. & Sölkner, J. 2014. Inbreeding and runs of homozygosity: A possible solution to an old problem. *Livestock Science* 166:26-34.

Doekes, H. P., Veerkamp, R. F., Bijma, P., Hiemstra, S. J. & Windig, J. J. 2018. Trends in genome-wide and region-specific genetic diversity in the Dutch-Flemish Holstein-Friesian breeding program from 1986 to 2015. *Genetics, Selection, Evolution* 50: (11 Ar 2018).

EUR-Lex. 1992. Neuvoston direktiivi (92/ 102/ETY) eläinten tunnistamisesta ja rekisteröinnistä. <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/FI/TXT/PDF/?uri=CELEX:31992L0102&from=FI>. Julkaistu 5.12.1992, viitattu 12.12.2018.

Falconer, D.S. & Mackay, T.F.C. 1996 *Introduction to Quantitative Genetics* 4. painos. Essex, England. Pearson Education Limited. 464 s.

FAO. 1998. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. Management of small populations at risk. <http://www.fao.org/3/a-w9361e.pdf>. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Julkaistu 1998, viitattu 21.3.2019.

FAO. 2015. The second report on the state of the world's animal genetic resources for food and agriculture. <http://www.fao.org/3/a-i5077e.pdf>. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Julkaistu 2015, viitattu 21.3.2019.

FAO. 2018a. Domestic Animal Diversity Information System. <http://www.fao.org/dad-is/en/>. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Viitattu 10.1.2019.

FAO. 2018b. Livestock and agroecology. <http://www.fao.org/3/i8926en/I8926EN.pdf>. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Julkaistu 2018, viitattu 18.3.2019.

Fernandez, J., Meuwissen, T. H. E., Toro, M. A. & Maki-Tanila, A. 2011. Management of genetic diversity in small farm animal populations. *Animal* 5: 1684-1698.

Garcia-Ruiz, A., Cole, J. B., Van Raden, P. M., Wiggans, G. R., Ruiz-Lopez, F. J. & Tassell, C. P. 2016. Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 113: E3995-E4004.

Gutiérrez, J., Cervantes, I., Molina, A., Valera, M. & Goyache, F. 2008. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. *Genetics Selection Evolution* 40: 359-378.

Gutiérrez, J., Cervantes, I. & Goyache, F. 2009. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 126: 327-332.

Hammami, H., Croquet, C., Stoll, J., Rekik, B. & Gengler, N. 2007. Genetic diversity and joint-pedigree analysis of two importing Holstein populations. *Journal of dairy science* 90: 3530-3541.

Hiemstra, S.J., de Haas, Y., Mäki-Tanila, A. & Gandini, G. 2010. Local cattle breeds in Europe, Development of policies and strategies for self-sustaining breeds. Wageningen, The Netherlands. Wageningen Academic Publishers. 161s.

Hill, W., & Weir, B. (2011). Variation in actual relationship as a consequence of Mendelian sampling and linkage. *Genetics Research*, 93(1), 47-64.

Iso-Touru, T., Tapio, M., Vilkki, J., Kiseleva, T., Ammosov, I., Ivanova, Z., Popov, R., Ozerov, M. & Kantanen, J. 2016. Genetic diversity and genomic signatures of selection among cattle breeds from Siberia, eastern and northern Europe. *Animal Genetics* 47: 647-657.

Kantanen, J., Olsaker, I., Holm, L. E., Lien, S., Vilkki, J., Brusgaard, K., Eythorsdottir, E., Danell, B. & Adalsteinsson, S. 2000. Genetic diversity and population structure of 20 North European cattle breeds. *Journal of Heredity* 91: 446-457.

Kearney, J. F., Wall, E., Villanueva, B. & Coffey, M. P. 2004. Inbreeding trends and application of optimized selection in the UK Holstein population. *Journal of dairy science* 87: 3503-3509.

Li, M., Strandén, I., Tiirikka, T., Sevon-Aimonen, M. L. & Kantanen, J. 2011. A comparison of approaches to estimate the inbreeding coefficient and pairwise relatedness using genomic and pedigree data in a sheep population. *PLoS ONE* : e26256.

- Lilja, T., Soini, K. & Mäki-Tanila, A. 2009. Eastern Finncattle. *Nauta* 5: 1-4. 2009.  
<http://www.regionalcattlebreeds.eu/publications/documents/Nauta%20Eastern%20Finn%20cattle.pdf>. Viitattu 27.11.2018.
- Luke. 2018a. Eläingenivarat. <https://portal.mtt.fi/portal/page/portal/www/Tietopaketti/Eläingenivarat/sailytysohjelmat/nauta/pohjoissuomenkarja>. Natural resources institute Finland. Viitattu 4.10.2018.
- Luke. 2018b. Kansalliset eläingenivaramme. Laidunnusseminaari 11.1.2018. [https://etelasuomi.proagria.fi/sites/default/files/attachment/geenivarat\\_ja\\_laidunnus\\_honkatukia.pdf](https://etelasuomi.proagria.fi/sites/default/files/attachment/geenivarat_ja_laidunnus_honkatukia.pdf). Natural resources institute Finland. Viitattu 5.4.2019.
- Maignel, L., Boichard, D., Verrier, E., 1996. Genetic variability of French dairy breeds from pedigree information. *Interbull bulletin* 14: 49-54.
- Maijala, K. 1998. Jalostustyöllä tulosta 100 vuotta naudan – ja sianjalostusta. Suomen kotieläinjalostusosuuskunta. Helsinki: Raine Salmi Oy. s. 74.
- Maijala, K. 1999. Geneettinen monimuotoisuus. Teoksessa: Juga, J., Maijala, K., Mäki-Tanila, A., Mäntysaari, E., Ojala, M. & Syväjärvi, J. (toim.). Kotieläinjalostus. Suomen Kotieläinjalostusosuuskunta. Jyväskylä: Gummerus kirjapaino. S. 234-250.
- Maiwashe, A., Nephawe, K. A., Westhuizen, R. R. van der, Mostert, B. E. & Theron, H. E. 2006. Rate of inbreeding and effective population size in four major South African dairy cattle breeds. *South African Journal of Animal Science* 36: 50-57.
- Martikainen, K., Tyriseva, A. M., Matilainen, K., Poso, J. & Uimari, P. 2017. Estimation of inbreeding depression on female fertility in the Finnish Ayrshire population. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 134: 383-392.
- McParland, S., Kearney, J. F., Rath, M. & Berry, D. P. 2007. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *Journal of animal science* 85: 322-331.
- Melka, M. G., Stachowicz, K., Miglior, F. & Schenkel, F. S. 2013. Analyses of genetic diversity in five Canadian dairy breeds using pedigree data. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 130: 476-486.
- Meuwissen, T. H. E. & Woolliams, J. A. 1994. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. *Theoretical and Applied Genetics* 89: 1019-1026.
- Meuwissen, T. H. E. & Luo, Z. 1992. Computing inbreeding coefficient in large populations. *Genet Sel Evol* (1992) 24, 305-313.
- Meuwissen, T. H. E. & Sonesson, A. K. 1998. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: overlapping generations. *Journal of animal science* 76: 2575-2583.

Mäntysaari, E.A. & Strandén, I. 2018. Genomic selection breeding scheme for Western Finncattle. Nordgen Farm Animals workshop. Espoo 29-30.11.2018.

NordGen. 2018. <https://www.nordgen.org/en/>. The Nordic Genetic Resource Centre. Viitattu 11.11.2018.

Nomura, T., Honda, T. & Mukai, F. 2001. Inbreeding and effective population size of Japanese Black cattle. *Journal of animal science* 79: 366-370.

Notter, D. R. 1999. The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *Journal of animal science* 77: 61-69.

Oldenbroek, K. & van der Waaij, L. 2014. Textbook animal breeding and Genetics. Centre for Genetic Resources and Animal Breeding and Genomics Group, Wageningen University and Research Centre, the Netherlands. 311 s. <https://wiki.groenkennisnet.nl/display/TAB/Textbook+Animal+Breeding+and+Genetics> . Viitattu 22.11.2018.

Oliehoek, P. A. & Bijma, P. 2009. Effects of pedigree errors on the efficiency of conservation decisions. *Genetics, Selection, Evolution* 41: (14 January 2009).

Pekkala, N., Knott, K. E., Kotiaho, J. S., Nissinen, K. & Puurtinen, M. 2014. The effect of inbreeding rate on fitness, inbreeding depression and heterosis over a range of inbreeding coefficients. (Special Issue: Evolutionary conservation.). *Evolutionary Applications* 7: 1107-1119.

ProAgria. 2018. Tietohaarukka 2018. [https://www.ruokatieto.fi/sites/default/files/Flash/tietohaarukka\\_2018\\_suomi.pdf](https://www.ruokatieto.fi/sites/default/files/Flash/tietohaarukka_2018_suomi.pdf). Viitattu 10.10.2018.

ProAgria. 2019. Lypsykarjan tuotosseurannan tulokset 2018. [https://www.proagria.fi/sites/default/files/attachment/lypsykarjan\\_tuotosseurannan\\_tulokset\\_2018\\_sanna\\_nokka.pdf](https://www.proagria.fi/sites/default/files/attachment/lypsykarjan_tuotosseurannan_tulokset_2018_sanna_nokka.pdf). Viitattu 10.4.2019.

Rodríguez-Ramilo, S.T., Morán, T., & Caballero, A. 2006. Relaxation of Selection With Equalization of Parental Contributions in Conservation Programs: An Experimental Test With *Drosophila melanogaster*. *Genetics* 172:1043-1054.

Roughsedge, T., Brotherstone, S. & Visscher, P. M. 1999. Quantifying genetic contributions to a dairy cattle population using pedigree analysis. *Livestock Production Science* 60: 359-369.

Simonen, S. 1950. Suomen ayrshireyhdistyksen historia 1901-1951. Suomen ayrshireyhdistys. Helsinki:Suomalaisen Kirjallisuuden Seuran Kirjapainon Osakeyhtiö. s.429.

Sjöblom, K. 2017. Länsisuomenkarjan populaation nykytilanne ja vanhojen sonnien käyttö sukusiitosasteen nousun hillitsijänä. Kotieläinten jalostustieteen pro gradu – tutkielma. Helsingin yliopisto, maataloustieteiden laitos ja Viikin kampuskirjasto. 51s.

- Sørensen, A. C., Sørensen, M. K. & Berg, P. 2005. Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. *Journal of dairy science* 88: 1865-1872.
- Sørensen, M. K., Sørensen, A. C., Baumung, R., Borchersen, S. & Berg, P. 2008. Optimal genetic contribution selection in Danish Holstein depends on pedigree quality. *Livestock Science* 118: 212-222.
- Stachowicz, K., Sargolzaei, M., Miglior, F. & Schenkel, F.S. 2011. Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle. *Journal of Dairy Science* 94:5160-5175
- Strandén, I. & Vuori, K., 2006. RelX2: pedigree analysis programme 8<sup>th</sup> World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 13-18 2006, Belo Horizonte, MG, Brasil.
- Strandén, I. & Peura, J. 2007. Inbreeding and relationship coefficients in the Finnish blue fox population. *Agricultural and Food Science* 2007 vol 16: 147-156.
- Taberlet, P., Valentini, A., Rezaei, H. R., Naderi, S., Pompanon, F., Negrini, R. & AjmoneMarsan, P. 2008. Are cattle, sheep, and goats endangered species? *Molecular ecology* 17: 275-284.
- Toro, M. A., Meuwissen, T. H. E., Fernandez, J., Shaat, I. & Maki-Tanila, A. 2011. Assessing the genetic diversity in small farm animal populations. *Animal* 5: 1669-1683.
- Vahlsten, T., Mantysaari, E. A. & Strandén, I. 2004. Coefficients of relationship and inbreeding among Finnish Ayrshire and Holstein-Friesian. *Agricultural and Food Science* 13: 338-347.
- Vahlsten, T. 2018. Population structure of Finncattle breeds. NordGen Farm Animals workshop. Espoo 29-30.11.2018.
- Van Raden, P.M. 1992. Accounting for Inbreeding and Crossbreeding in Genetic Evaluation of Large Populations. *Journal of Dairy Science* 75:3136-3144
- Venhoranta, H., Pausch, H., Wysocki, M., Szczerbal, I., Hanninen, R., Taponen, J., Uimari, P., Flisikowski, K., Lohi, H., Fries, R., Switonski, M. & Andersson, M. 2013. Ectopic KIT copy number variation underlies impaired migration of primordial germ cells associated with gonadal hypoplasia in cattle (*Bos taurus*). *PLoS ONE*; 2013 8: e7
- Weigel, K. A. 2001. Controlling inbreeding in modern breeding programs. *Journal of dairy science* 84: E177-E184.
- Woolliams, J. A. & Mäntysaari, E. A. 1995. Genetic contributions of Finnish Ayrshire bulls over four generations. *Animal Science* 61: 177-187.
- Woolliams, J. A. 2006. Design and evaluations for managing genetic diversity in breeding programs. 8<sup>th</sup> World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.

Woolliams, J. A., Berg, P., Dagnachew, B. S. & Meuwissen, T. H. E. 2015. Genetic contributions and their optimization. (Special Issue: Quantitative genetics and genetic improvement - papers in honour of John James.). *Journal of Animal Breeding and Genetics* 132: 89-99.